

Biological Research

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

founded in 1964

Founding Editor:

Jorge Mardones

Past Editors:

Tito Ureta,

Patricio Zapata,

Manuel Krauskopf

Jorge Garrido

This Journal is the official organ of the
SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE

Legal personality N° 2.521 (4.6.54)

RUT 70-397.400-7

Legal address: Canadá 308

Santiago 9, Chile

(Legal Advisor and Representative)

Jaime Altamirano P.

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

Yearly subscription US\$ 250

Payable to

Sociedad de Biología de Chile

Correspondence to

BIOLOGICAL RESEARCH

Sociedad de Biología de Chile

Canadá 253, piso 3°, Dpto. F.

PO Box 16164, Santiago, Chile

Fax (56-2) 225 8427

Phone (56-2) 209 3503

E-mail socbiol@biologiachile.cl

Internet: www.biologiachile.cl

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

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

ISSN: 0716-9760

ISSN electronic version: 0717-6287

Editor-in-Chief

Manuel J. Santos

Pontificia Universidad Católica de Chile

Santiago, Chile.

Associate Editors

Gloria Montenegro Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile.

Christian González Universidad de Chile, Chile.

Mauricio González Universidad de Chile, Chile.

Rosalba Lagos Universidad de Chile, Chile.

Ricardo Moreno Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile.

Victoria Velarde Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile.

Assistants to the Editors

Yolanda Zambrano (Production)

Rubén Carrasco (Production)

George Montgomery (Editing and Proofreading)

Sociedad de Biología de Chile

Editorial Board

Oscar Burrone International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology (ICGEB)
Trieste, Italy.

Enrique Brandan Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile.

Néstor Bianchi Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) La Plata, Argentina

Philippe Bouvet École Normale Supérieure du Lyon, France.

Francisco Bozinovic Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile.

Juan José Cazzulo Universidad Nacional San Martín, Argentina.

Víctor Cifuentes Universidad de Chile, Chile.

Inés Contreras Universidad de Chile, Chile

Leopoldo De Meis Universidad Federal Río de Janeiro, Brazil.

Sonia Dietrich Institute of Botany, São Paulo, Brazil.

Raúl Fernández Donoso Universidad de Chile, Chile.

Gonzalo Gajardo Universidad de Los Lagos, Chile.

Joan Guinovart Universidad de Barcelona, Spain.

Cecilia Hidalgo Universidad de Chile, Chile.

Luis Felipe Hinojosa Universidad de Chile, Chile.

Carlos Hirschberg Boston University, U.S.A.

Tsuneo Imanaka Toyama University, Japan.

Nibaldo Inestrosa Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile.

Ramón Latorre Centro de Neurociencia de Valparaíso, Chile.

Sergio Lavandero Universidad de Chile, Chile.

Lisette Leyton Universidad de Chile, Chile.

Martín Montecino Universidad de Concepción, Chile.

Juan Olate Universidad de Concepción, Chile.

Adrián Palacios Universidad de Valparaíso, Chile.

Manuel Rieber Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC) Venezuela.

Gloria Riquelme Universidad de Chile, Chile.

Flavio Salazar O. Universidad de Chile, Chile.

José Luis Santos Universidad de Chile, Chile.

M.A.Q. Siddiqui State University of New York, U.S.A.

Eugenio Spencer Universidad de Santiago de Chile, Chile.

Marc Thiry Université de Liège, Belgium.

Tito Ureta Universidad de Chile, Chile.

Carlos Valenzuela Universidad de Chile, Chile

Pablo Valenzuela Fundación Ciencia para la Vida, Chile.

Claudio Vásquez Universidad de Santiago de Chile, Chile.

Directorio Sociedad de Biología de Chile 2011-2012

Mesa Directiva

Dr. Patricio Ojeda
Presidente
Facultad de Ciencias Biológicas
P. Universidad Católica de Chile
Alameda 340
Fono: 3542879
pojeda@bio.puc.cl

Dra. Rosalba Lagos
Vicepresidenta
Facultad de Ciencias
Universidad de Chile
Las Palmeras 3425
Fono: 9787348
rolados@uchile.cl

Dr. Marco Tulio Núñez
Past president
Facultad de Ciencias
Universidad de Chile
Las Palmeras 3425
Fono: 9787360
mnunez@uchile.cl

Dr. Héctor Toledo
Tesorero
Facultad de Medicina
Universidad de Chile
Independencia 1027
Fono: 9786053
htoledo@med.uchile.cl

Dr. Eduardo Palma
Secretario
Facultad de Ciencias Biológicas
P. Universidad Católica de Chile
Alameda 340
Fono: 3542192
epalma@bio.puc.cl

Dra. María Antonieta Valenzuela
Directora
Facultad de Ciencias Químicas y
Farmacéuticas
Universidad de Chile
Vicuña Mackenna 20
Fono: 9782957
mavalenz@uchile.cl

Dr. Rodrigo Iturriaga
Director
Facultad de Ciencias Biológicas
P. Universidad Católica de Chile
Alameda 340
Fono: 3542852
riturriaga@bio.puc.cl

Presidentes de Sociedades Afiliadas

Sociedad de Ecología de Chile
Dra. Bárbara Saavedra
Wildlife Conservation Society
Fono: 56-2-6351095
e-mail: bsaavedra@wcs.cl

Sociedad de Biología Celular de Chile
Dra. María Rosa Bono
Facultad de Ciencias
Universidad de Chile
Fono: 56-2-9787339
E-mail: mrbono@uchile.cl

Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular de Chile
Dra. Victoria Guixé
Facultad de Ciencias
Universidad de Chile
Fono: 56-2-9787335
E-mail: vguixe@uchile.cl

Sociedad de Reproducción y Desarrollo
Dra. Carmen Romero
Facultad de Medicina
Hospital Clínico J.J. Aguirre
Fono: 56-2-9788305
E-mail: cromero@redclinicauchile.cl

Sociedad de Botánica de Chile
Dra. Gloria Rojas Villegas
Museo Nacional de Historia Natural
Fono: 56-2-6804619
Fax: 56-2-680460
E-mail: grojas@mnhn.cl

Sociedad Chilena de Ciencias Fisiológicas
Dr. Julio Alcayaga
Facultad de Ciencias
Universidad de Chile
Fono: 56-2-9787366
E-mail: jalcayag@uchile.cl

Sociedad de Microbiología de Chile
Dr. Omar Orellana Orellana
ICBM- Facultad de Medicina
Universidad de Chile
Fono: 56-2-9786325
E-mail: oorellan@uchile.cl

Sociedad de Genética de Chile
Dr. Juan Carlos Marín
Facultad de Ciencias
Universidad del Bío-Bío
Fono: 56-42-253153
E-mail: jmarin@ubiobio.cl

Sociedad Chilena de Inmunología
Dr. Ángel Oñate
Facultad de Ciencias Biológicas
Universidad de Concepción
Fono: 56-41-2204118
E-mail: aonate@udec.cl

Sociedad Chilena de Evolución
Dr. Pedro Victoriano
Facultad de Ciencias Naturales y
Oceanográficas
Universidad de Concepción
Fono: 56-41-2203058
E-mail: pvictori@udec.cl

Sociedad de Farmacología de Chile
Dr. Juan Carlos Prieto
Facultad de Medicina
Universidad de Chile
Fono: 56-2-9786044
E-mail: jprieto@med.uchile.cl

Secciones

Sección Zoología
Mauricio Canals

**LIV REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE BIOLOGÍA
DE CHILE**

**V REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN**

**XVIII REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE**

**XXII REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD BOTÁNICA DE CHILE**

**XLIV REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE**

Hotel Patagónico - Puerto Varas 6 al 9 de noviembre 2011

Auspiciadores

GENEXPRESS

GENESIS

SUDELAB

Patrocinantes

CONICYT

INSTITUTO DE CIENCIAS BIOMÉDICAS, ICBM

**FACULTAD DE CIENCIAS
UNIVERSIDAD DE CHILE**

**FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CHILE**

FUNDACIÓN CHILENA PARA LA BIOLOGÍA CELULAR

RED LATINOAMERICANA DE CIENCIAS BIOLÓGICAS (RELAB)

ALFABETA ARTES GRÁFICAS

OCEANA

ARAUCO

FUNDACIÓN OTERO VIZCARRONDO

CERVEZAS SALZBURG



BR

Conferencias



BR

CONFERENCIA INAUGURAL

THE ORIGINS OF GLOBAL BIODIVERSITY PATTERNS

Wiens, J. J.

Department of Ecology and Evolution, Stony Brook University, Stony Brook, New York, 11794-5245, U.S.A.

For more than two centuries now, biologists have observed major differences in the number of species in different parts of the Earth. Understanding the underlying causes of differences in species richness across regions and habitats has become an important research focus in biology, especially ecology. This research has taken on increased urgency as global biodiversity is increasingly threatened by human activities. In this talk, I will argue that understanding variation in species richness patterns requires consideration of both ecological and evolutionary processes, and that diversity patterns at most scales are ultimately explained by either differences in the timing of occupation of habitats or regions and/or differences in rates and patterns of diversification (speciation minus extinction). I will discuss recent research from my lab aimed at understanding several diverse patterns of species richness, using approaches that integrate phylogeny, ecology, biogeography, and evolutionary processes. I will present examples from our work on vertebrates that address the following questions: (a) what explains higher species richness in tropical regions? (b) what explains richness patterns along gradients in aridity and elevation? (c) what explains differences in local richness between habitats? and (d) why are there more species in terrestrial environments than in the ocean?

CONFERENCIA SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE

CONSERVACIÓN Y POR QUÉ LA CONSERVACIÓN MARINA ES SINGULAR

Castilla, J. C. Ph.D, D.Sc.

Departamento de Ecología y Núcleo Milenio en Conservación Marina. Facultad de Ciencias Biológicas. P. Universidad Católica de Chile. jcastilla@bio.puc.cl

El concepto biológico-ecológico de Conservación es usado por ecólogos, manejadores, legisladores, ecologistas y público en general. Existe diversidad de criterios en su definición y significado; por ejemplo, en función de aproximaciones ético filosóficas biocentristas o antropocentristas (o intermedias). Desgraciadamente, la falta de claridad en la definición del concepto lleva a confundir terminología, como Conservación y Preservación, y ello no ayuda en el diálogo fructífero. Se hablan idiomas distintos. En forma pionera, la legislación chilena abordó estas definiciones en la Ley N° 18.362 de 1984 "Del Establecimiento del Sistema Nacional de Áreas Silvestres Protegidas del Estado" (este fue, con otros colegas, mi primer aporte como científico en ayudar en la definición de terminología legislativa). En mi opinión, en legislaciones subsiguientes se ha perdido claridad en ellas. Eso no le ayuda a la conservación ni a la sociedad. Tampoco ayudamos a los legisladores en conservación si no se les recordamos lo obvio: que la conservación, cualquiera sea su definición, ocurre en escenarios naturales con singularidades y que por lo tanto las recetas únicas no funcionan. El océano (costero y abierto) es uno de estos escenarios. Me gusta caracterizar espacialmente el océano costero con el símil de amplias carreteras tridimensionales, con pistas móviles multidireccionales, con circunvalaciones, desvíos y pasos de nivel, donde no solo el plancton marino, sino que estadios de desarrollo temprano como larvas, esporas y aun juveniles son transportados en forma pasiva o semipasiva. Conocemos los forzantes que mueven estas pistas: vientos, brisas, centros de presión, la rotación de la Tierra, que generan corrientes, levantamientos y hundimientos de masas de agua. Así, en el océano costero la aplicación del concepto de conservación es complejo. Necesitamos entender las direcciones en que se mueven las pistas, las distancias a que son transportados los organismos en sus estadios primitivos, los movimientos de los adultos, las interconexiones, y además las áreas fuentes, sumideros y sitios de reclutamiento. Una larva que deja un parque marino o un área de manejo pesquero o un área abierta a la pesca ingresará a las pistas móviles tridimensionales y viajará por ellas, será trasportada por una corriente o una ola, será retenida por una sombra de surgencia, un filamento o será exportada al océano abierto. Para lograr objetivos de sostenibilidad en el océano costero es esencial usar en forma combinada herramientas propias de conservación, preservación y manejo racional. La charla presenta la situación de conservación y manejo a lo largo de la costa de Chile como resultado de 40 años de aportes científicos de numerosos biólogos y ecólogos marinos y esfuerzos por comunicarlos no solo a los pares, sino que además a los legisladores. No obstante, también después de 40 años, los ecólogos marinos aún estamos en deuda respecto de alfabetizar y comunicar en forma simple estos conceptos y logros a la sociedad chilena.

Una contribución del Núcleo Milenio en Conservación Marina, Estación Costera de Investigaciones Marinas, Las Cruces, P. Universidad Católica de Chile.

CONFERENCIA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE

GENÉTICA FORENSE EN CASOS PRESENTADOS AL SISTEMA INTERNACIONAL DE JUSTICIA. ACTUALIZACIÓN Y PERSPECTIVAS.

Orrego, C. Ph.D.

Jan Bashinski DNA Laboratory Bureau of Forensic Services
Department of Justice, State of California USA.

Es frecuente adjudicar delitos a posibles sospechosos por medio de perfiles de ADN obtenidos ya sea de una escena de crimen o a partir de una muestra obtenida de una víctima de agresión sexual, por coincidencia del perfil del individuo con uno ya registrado en un banco de perfiles de ADN de personas previamente penadas. También es posible vincular múltiples escenas de crimen a un sospechoso por un patrón de evidencia común en el cual el perfil de ADN detectado es idéntico en todas ellas, perfil altamente individualizante, obtenido del análisis de 15 o más loci autosomales STR.

La reconstrucción de patrones coincidentes a partir de diferentes episodios también es de fundamental importancia en la documentación de crímenes de lesa humanidad, genocidio, así como crímenes de guerra y agresión, todos ellos bajo la jurisdicción de tribunales internacionales como el Tribunal Penal Internacional para la ex Yugoslavia y la Corte Penal Internacional.

Esta ponencia examinará en detalle los patrones revelados por la evidencia de ADN, sumada a los datos arqueológicos y antropológicos, obtenidos por el personal del International Commission on Missing Persons, de la masacre de Srebrenica en 1995 durante el conflicto de los Balcanes, evidencia en parte ya presentada, al Tribunal Penal Internacional para la ex Yugoslavia.

Investigaciones de crímenes bajo la jurisdicción del sistema internacional de justicia serán pronto susceptibles a beneficiarse aún más por innovaciones extraordinarias en el análisis de ADN. Estas serán discutidos en el contexto de técnicas de nueva generación en el tipaje y secuenciación de ADN.

CONFERENCIA SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

CLIMATE CHANGE, LIZARD EXTINCTIONS AND LINKS TO SUCCESSIONAL CHANGES IN PLANTS (Cambio climático, extinciones de lagartijas y su asociación con cambios sucesionales en plantas).

Sinervo, B.

Department of Ecology & Evolutionary Biology. University of California. Santa Cruz. USA.

Climate models forecast species extinctions and distributional shifts in upcoming decades, but many predictions lack validation and thus are relatively uncertain. Sinervo et al. (Science May 2010) compared recent and historical surveys for lizards on five continents and presented a physiological model that predicted the extinctions with high accuracy ($R^2=0.72$). We present new physiological measurements of operative model temperatures that validate the model for 3 of the original continental surveys. Furthermore, we validate the extinction model with new predictions and new extinction resurveys of several species of lizard in Europe and North America. Finally, we present new data on correlated changes in trees species that are correlated with the lizard extinctions. The tree death and branch die-back events foreshadow dramatic ecosystem level changes that will profoundly impact persistence of the lizard species of the world. Tree dieback events transiently elevate operative temperatures and thus elevate extinction risk. Furthermore, larger scale tree dieback events promote successional change which will alter species composition of lizards in those ecosystems.

CONFERENCIA SOCIEDAD DE BOTÁNICA DE CHILE

NOLANA (SOLANACEAE): SISTEMÁTICA, BIOGEOGRAFÍA Y EVOLUCIÓN.

Dillon, M. O.
Instituto, The Field Museum.

Nolana (Solanaceae) es un género con 89 especies que se distribuyen desde los desiertos costeros de Atacama hasta el norte del Perú, con una especie endémica de las Islas Galápagos. En Chile, el género no tiene menos de 49 especies y se encuentra dentro del selecto grupo de 14 géneros con 50 especies o más, registrados para la flora chilena. Su distribución total abarca más de 2600 kilómetros, desde su frontera con el Perú en los 18 ° hasta los 42 ° en la Isla de Chiloé. La mayor diversidad se limita a las localidades cercanas a los océanos, desde el nivel del mar hasta los 800 metros y dentro de los 50 kilómetros del Océano Pacífico. Tras la última monografía, nuestro conocimiento general de este hermoso grupo ha aumentado considerablemente y ha revelado una historia fascinante en la evolución de la flora costera de la cuenca oriental del Pacífico. Colectas intensivas y modernos estudios sistemáticos moleculares, utilizando numerosos marcadores, han revelado una compleja historia. El género tiene un origen chileno, con los clados basales confinados a Chile, de amplia distribución geográfica y ecológica. Perú tiene dos clados firmemente constituidos, lo que sugiere dos introducciones con la subsecuente radiación posterior. Un clado chileno de especies arbustivas y de flor pequeña parece haber tenido su origen en los mismos antepasados de la segunda línea que se irradiaron en el Perú y el norte de Chile. Las tasas de diversificación de los últimos 4,02 millones de años en Nolana, en uno de los hábitats más secos de la Tierra, sugieren una rápida radiación adaptativa en varios clados. El éxito en Nolana se puede atribuir a caracteres que le confieren una ventaja competitiva en ambientes impredecibles y dependientes de agua, tales como la anatomía de hojas suculentas, su ecofisiología y el mericarpo reproductivo único en Nolana.

CONFERENCIA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE

DR. DANKO BRNCIC. LA EVOLUCIÓN, LA ADAPTACIÓN Y LOS GENOMAS.

Hasson, E. R.
Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

La genómica comparativa es la última revolución en biología evolutiva y uno de sus desafíos es encontrar información en los colosales bancos de datos de los que se dispone. Esta tarea permitirá establecer un puente entre genotipo y fenotipo e identificar los cambios genómicos vinculados con la adaptación y la divergencia entre especies. Los genomas son un inventario de todos los genes necesarios para construir y operar un organismo y, también, una ventana hacia el pasado, tanto reciente como profundo. El estudio del ADN se ha convertido en un elemento cotidiano gracias a sus aplicaciones y, además, los estudios basados en los genomas no solo confirman la tesis darwiniana, sino que permiten conocer la historia de la vida, en general, y de nuestro linaje en particular. Sin embargo, aún se siguen cuestionando los tres componentes centrales del argumento darwiniano: la variación, la selección y el tiempo. Si bien la distribución de los efectos fenotípicos de las mutaciones hace difícil pensar en la evolución adaptativa, la combinación entre mutación al azar y selección natural (SN) sigue siendo la mejor explicación evolutiva. Las mutaciones que no afectan el fenotipo evolucionan al azar, las perjudiciales son purgadas por la selección purificadora y las beneficiosas evolucionan por selección positiva. A lo largo de la charla se presentarán casos que ilustran el papel ordenador que ha tenido la SN a lo largo de eones, casos en los que la SN ha conducido la evolución de novedades evolutivas y, finalmente, qué nos dicen los genomas acerca de nuestra evolución.

CONFERENCIA SOCIEDAD CHILENA DE REPRODUCCIÓN Y DESARROLLO

VÍA DE SEÑALIZACIÓN DE INSULINA EN CÉLULAS DE ENDOMETRIO HUMANO (Insulin signaling pathway in human endometrial cells).

Vega, M., Rosas, C., Fornés, R., Kohan, K., Plaza, F., Carvajal, R., Ormazabal, P., Vantman, D., Gabler, F., Romero, C.
Laboratorio Endocrinología y Biología Reproductiva, Hospital Clínico, Dpto. Obstetricia y Ginecología, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Proyecto FONDECYT 1095167.

La insulina ejerce su acción en los tejidos a través de la unión a sus receptores. Lo anterior conduce a la transducción de la señal hormonal que culmina en la exposición del transportador de glucosa (GLUT4) en la superficie celular. El endometrio expresa receptores para insulina y este tejido es esencial para la reproducción, donde insulina regula la disponibilidad energética necesaria para la gestación. Entre las patologías importantes que conducen a infertilidad está el Síndrome de Ovario Poliquístico (SOP) y el 80% de las pacientes con este síndrome presenta insulino-resistencia, alteración que también se observa en el endometrio. En efecto, nuestro grupo ha reportado que en endometrio de pacientes-SOP la vía de señalización de insulina está alterada, reflejándose en disminución en los niveles proteicos de p-IRS-1, p-AS160, N-WASP, GLUT4, y un aumento de p-FOXO-1 y PPAR- γ . Estos antecedentes claramente evidencian un estado de insulino-resistencia en endometrio y lo más importante es la disminución del contenido proteico y exposición de GLUT4 en la superficie celular, con la consecuente falla en la captación de glucosa. Esta disminución de GLUT4 se revierte al administrar un insulino-sensibilizante (metformina). En consecuencia, la anomalía en la señal de insulina en los endometrios de pacientes-SOP explicarían, en parte, las fallas reproductivas observadas en estas pacientes.

CONFERENCIA RED LATINOAMERICANA DE CIENCIAS BIOLÓGICAS (RELAB)

SOLUBLE A β OLIGOMERS AND SYNAPSE FAILURE IN ALZHEIMER'S DISEASE

Ferreira, S. T.

Institute of Medical Biochemistry, Federal University of Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ 21944-590, Brazil; Email: ferreira@bioqmed.ufrj.br

More than one hundred years after its description, the mechanisms leading to memory loss and progressive cognitive impairment in Alzheimer's disease (AD) remain controversial. Considerable evidence accumulated during the past decade indicates that soluble oligomers of the amyloid- β peptide (A β), which accumulate in the brains of AD patients, are the proximal toxins that attack neurons and cause synapse failure culminating with memory impairment. This presentation will focus on mechanisms by which A β oligomers (A β Os) negatively impact the function of neuronal receptors involved in synaptic plasticity. We recently showed that A β Os cause aberrant activation of NMDA receptors, which triggers dysregulation of intracellular Ca $^{2+}$ levels, neuronal oxidative stress and receptor internalization. Similarly, A β Os induce removal of AMPA receptors from synapses. Combined removal of NMDA and AMPA receptors from synapses may be the underlying mechanism to explain the inhibition of synaptic plasticity induced by A β Os. Surprisingly, we recently found that A β Os instigate internalization and redistribution of neuronal insulin receptors from synapses to the cell body, as well as blockade of insulin signaling pathways. This leads to neuronal resistance to insulin signaling, essential for memory-related processes, and suggests that AD may be a novel form of brain-specific insulin resistance. Significantly, insulin and drugs that stimulate the insulin signaling pathway afford protection against pathological changes in synapses induced by A β Os. Elucidation of molecular/cellular mechanisms underlying the deleterious impact of A β Os on synapses is beginning to illuminate the development of novel therapeutic approaches to combat memory loss in AD.

CONFERENCIA PREMIO GRUPO BIOS – SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE

NEURONAL SIGNALING AND PLASTICITY IN THE NORMAL BRAIN AND IN ALS (Señalización y plasticidad neuronal en condiciones normales y en ELA).

van Zundert, B.

Centro de Investigaciones Biomédicas (CIB), Fac. Ciencias Biológicas y Fac. Medicina, Universidad Andrés Bello, Santiago. (bvanzundert@unab.cl).

Amyotrophic Lateral Sclerosis (ALS) is a fatal, adult-onset paralytic disorder caused by the progressive degeneration of motor neurons (MNs). Mutations in the gene superoxide dismutase (SOD1) cause inherited ALS. Despite the generation of multiple and excellent transgenic SOD1 mice models starting over 15 years ago, the mechanisms underlying MN degeneration are not defined and no cure exists. Recent *in vitro* and *in vivo* studies from our laboratory indicate that the voltage-sensitive sodium channels (Nav) are a primary and key target of mutant SOD1; activation of Nav leads to increased sodium and calcium influxes, mitochondria alterations, and MN death. These results may have far-reaching implications for ALS, from both pathogenic and therapeutic standpoints. Because as of today ALS and other neurodegenerative diseases cannot be prevented, in a second line of research we study the basic cellular and molecular mechanisms underlying neuronal plasticity; our long-term goal is to reactivate dendrite branch development in the adult injured brain to compensate for lost neuronal connections. Data from our laboratory indicate that dendritogenesis in mature neurons can be achieved dependent on the specific composition of the NMDA receptors and their interaction with particular scaffolding and signalling proteins located within the synapse.

Acknowledgement: Funded by Fondecyt 1101012 and ALS Therapy Alliance (ATA).

CONFERENCIA SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

EVOLUCIÓN DE LAS ESPECIES DE *ELIGMODONTIA* (CRICETIDAE) A LO LARGO DE LOS ANDES DEL SUR DE SUDAMÉRICA (Evolution of the species of *Eligmodontia* (Cricetidae) along the Andes of southern South America).

Spotorno, A. E.

Laboratorio de Citogenética Evolutiva de Mamíferos, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. E-mail: aspotorn@med.uchile.cl

En la radiación de los sigmodontinos, las seis especies de gerbilos andinos destacan por su adaptación a los emergentes ambientes secos. Comparten eficiencia hídrica, pelaje sedoso, vientre albo, y patas traseras alargadas con exclusiva almohadilla de tubérculos fusionados. Tres especies chilenas no endémicas especiaron desde el Norte (hipótesis de Reig), al Altiplano de Arica (*Eligmodontia hirtipes* 2N=50 FN=48), de Antofagasta (*E. puerulus* 2N=34 FN=48) y hacia Patagonia (*E. morgani* 2N=32 FN=32), extendiéndose al Este; allí viven *E. moreni* 2N=52 FN=50, y *E. typus* con *E. bolsonensis* 2N=44 FN=44. Además de notables cambios cromosómicos (desde clado nortino con FN alto), sus secuencias para el gen *cytb* presentaron divergencias interespecíficas mayores (8,61-11,57% K2P) que las intraespecíficas (0,31-0,98%), con largas ramas formando un patrón estrellado poco estructurado. Agregamos ahora una rama oeste, con una divergente especie nueva en Chile nor-central (Punta Choros, Atacama), indistinguible citogenéticamente de *E. hirtipes*, aunque simpátridas en Copiapó. Presenta el menor tamaño corporal adulto del género (promedio 11,9+1,9 g, n=20, incluyendo cuatro hembras preñadas). Dos de cinco sitios estudiados se asocian a desierto florido, explicando ocasionales densidades altas para este micromamífero endémico, probablemente autóctono y usualmente raro. Se presenta un escenario biogeográfico de poblamiento por retracciones suroeste del desierto de Atacama.

CONFERENCIA SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE

ECOLOGICAL FORECASTING TO SUPPORT ADAPTIVE MANAGEMENT STRATEGIES: THE CASE OF SEQUOIA KINGS CANYON NATIONAL PARK.

Schwartz, M.
University California, Davis.

Forecasting the ecological impacts of climate change is a core area in the field of ecology. Developing ecological forecasts that are directly relevant and used to make resource management decisions remains a challenge. I report on a two year process of assessing natural resource condition for Sequoia / Kings Canyon National Parks and how the park envisions using these condition assessments and ecological forecasts to make resource management decisions. Park focus is on embracing forecast uncertainty to create alternative management scenarios. I describe our current understanding of resource condition, the primary resource management challenges (fire management, invasive species, endangered species, air quality) and the challenges these present for ecologists in producing management relevant forecasts. The park has aggregated a database of over 100,000 species observations of plants and animals, has a thorough map of plant communities, fire history and a stem map for all giant sequoia within the park. These data present a great ability to capture a depiction of current status for some attributes, less so for others. Despite this considerable data, uncertainty of ecological forecasts remain high because of the climatic complexity of montane environments. Resources such as the giant sequoia are predicted to lose much of their habitat during the next century; fire frequency and intensity continues to increase. Despite this uncertainty, fire management teams, resource managers and ecologists are working to develop a suite of ecological forecasts that can be used to drive decision-making.

Agradece Convenio Chile-California.

CONFERENCIA SOCIEDAD DE BOTÁNICA DE CHILE

ESTADO ACTUAL DEL CONOCIMIENTO DE LOS BRIÓFITOS DE CHILE (Current state of the knowledge of Chilean bryophytes).

Larraín, J.
Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Chile.

Chile posee una diversa e interesante flora briológica. Las cerca de 1300 especies de musgos, hepáticas y antocerotes presentes en el territorio nacional comprenden más del 20% del total de especies de plantas conocidas en el país. El primer recolector de musgos chilenos fue el francés Philibert Commerson (1767), cuyas colecciones, sumadas a las de Bertero, Hombron, Pöppig, D'Urville, Hooker y Gay, entre otros, dieron origen a la primera y última flora briológica de Chile realizada por el naturalista francés Camille Montagne en 1850, como parte de la obra "Historia Física y Política de Chile" de Claudio Gay, encargada por el ministro Mariano Egaña durante el gobierno de José Joaquín Prieto. Desde entonces, el conocimiento taxonómico y sistemático de los briófitos de Chile ha avanzado enormemente, pero estos resultados no han sido todavía resumidos en una obra de referencia actualizada, que permita la determinación de los géneros y especies presentes en Chile. Asimismo, extensas zonas del territorio nacional aún permanecen escasas o nualmente exploradas en cuanto a los briófitos, lo que impide determinar con exactitud la distribución actual y la frecuencia de las poblaciones. Esto incide negativamente en el conocimiento del estado de conservación de muchos taxones. El bajo número de especialistas chilenos trabajando en estos grupos, el escaso interés que los briófitos despiertan en la población, y la dificultad para financiar estudios florísticos y viajes exploratorios, representan actualmente los mayores obstáculos para el desarrollo de la briología en Chile.

CONFERENCIA SOCIEDAD DE MICROBIOLOGÍA DE CHILE

LOS COMPUESTOS AROMÁTICOS EN LA INTERACCIÓN ENTRE PLANTAS Y BACTERIAS NO FITOPATÓGENAS (Aromatic compounds in the interaction between plants and non-phytopathogenic bacteria).

González, B.^{1,2}.

¹Laboratorio de Bioingeniería. Facultad de Ingeniería y Ciencias. Universidad Adolfo Ibáñez. ²Núcleo Milenio de Genómica Funcional de Plantas. Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad. Pontificia Universidad Católica de Chile.

En la naturaleza las plantas están colonizadas por un sinnúmero de microorganismos, tanto en las raíces (microbiota rizosférica) como epífita y endófitamente. Por razones obvias, las interacciones planta-microorganismos mejor estudiadas han sido las que involucran a los fitopatógenos y, en menor medida, las bacterias promotoras del crecimiento de plantas, en especial las fijadoras de nitrógeno. Sin embargo, estudios filogenómicos recientes señalan que hay una fracción importante de bacterias que se asocian normalmente con plantas, estableciendo interacciones positivas o (presumiblemente) neutras, que poseen en sus genomas un potencial significativo para degradar y (en algunos casos) sintetizar compuestos aromáticos. Se desconoce mayormente qué significado funcional tiene que estas bacterias destinen una fracción importante de su genoma al metabolismo de compuestos aromáticos. En esta oportunidad se presentará evidencia obtenida recientemente por nuestro grupo sobre la relación entre metabolismo de compuestos aromáticos y la colonización de plantas, el uso de componentes de los exudados, y la protección de plantas, usando como modelos a la bacteria promotora del crecimiento de plantas *Burkholderia phytofirmans* PsJN, la versátil degradadora de compuestos aromáticos *Cupriavidus pinatubonensis* JMP134 y las especies vegetales *Arabidopsis thaliana* y *Acacia cavendishii* (espino).

Agradecimientos: FONDECYT 1110850. NM-PFG P06-009F.

CONFERENCIA SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

STATISTICAL PHYLOGEOGRAPHIC APPROACHES FOR EXPLORING THE GENETIC CONSEQUENCES OF CLIMATE-INDUCED DISTRIBUTIONAL SHIFTS.

Knowles, L. L.

Department of Ecology and Evolutionary Biology. University of Michigan, USA.

Understanding the genetic consequences of shifting species distributions is critical for evaluating the impact of climate-induced distributional changes. However, the demographic expansion associated with the colonization process typically takes place across a heterogeneous environment, with population sizes and migration rates varying across the landscape. I will describe an approach for coupling ecological-niche models (ENMs) with demographic and genetic models to explore the genetic consequences of distributional shifts across a heterogeneous landscape. Analyses of a flightless grasshopper from the sky islands of the Rocky Mountains of North America show how biologically informed multiple geographic regions predictions can be generated about the genetic consequences of a colonization process across a spatially and temporally heterogeneous landscape (i.e., the suitability of habitats for the montane species differs across the landscape and is itself not static, with the displacement of contemporary populations into glacial refugia). The approach provides a statistical framework for estimating key demographic parameters and testing hypotheses about the conditions for which distributional shifts may (or may not) enhance species divergence, including the importance of habitat stability, past gene-flow among currently isolated populations, and maintenance of refugial populations in multiple geographic regions.

CONFERENCIA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE

22Q11.2 DELETION SYNDROME: A MODEL FOR UNDERSTANDING HUMAN BEHAVIOUR AND DEVELOPMENT.

Bassett, A.

Director of the Clinical Genetics Research Program, Clinical Research Department, Centre for Addiction and Mental Health. Canada Research Chair in Schizophrenia Genetics and Genomic Disorders. Professor of Psychiatry at the University of Toronto, Canada.

Geneticists can anticipate an ever increasing number of adults with 22q11.2 deletion syndrome and related emerging genomic disorders. These patients may pose multiple challenges for genetic counselling and management. Long term outcome is largely determined by the neuropsychiatric (brain and behavioural) phenotype. At our centre we have developed an individualized approach for patients and their families, based on new international consensus guidelines. The approach includes optimal diagnosis and management of psychiatric illnesses, and the consequences of the cognitive profile, in the context of multisystem expression, including neurological (e.g., seizure risk), endocrine and cardiovascular features. Further studies and clinical experience will help to improve our understanding of late onset CNS disease and premature death that are observed in 22q11.2 deletion syndrome. Human clinical and post mortem studies, in addition to animal and other model systems, will also contribute to our understanding of the molecular pathogenesis of this complex condition. Studies of this defined condition promise to shed light on the pathogenesis of diseases that are common in the general population.

CONFERENCIA DR. HERMANN NIEMEYER

ESTRUCTURA Y FUNCIÓN DE PROTEÍNAS: UNA HISTORIA DE TRES AMORES (Structure and function of proteins: a story of three loves).

Babul, J.

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

El estudio de las relaciones entre la estructura y función de las proteínas continúa siendo uno de los principales objetivos de la biología estructural. Sin embargo, las investigaciones experimentales se han realizado con solo una pequeña fracción de las proteínas que conocemos. Las características especiales de la estructura de las proteínas les permite desempeñar un rol crucial en la integración de los procesos biológicos por medio de la regulación de sus funciones. Esta regulación surge de las influencias mutuas de los cambios estructurales que experimenta la proteína provocados la unión de ligandos, los que, a su vez, constituyen la base de la comunicación alostérica de las enzimas. Así, la comprensión de los mecanismos alostéricos implican el explorar los principios básicos que están detrás de las relaciones entre estructura y función.

Relataré mi introducción en este campo de estudio con mi experiencia como tesista del Dr. Hermann Niemeier y las investigaciones en las propiedades de la glucoquinasa. Tanto su influencia en mi formación como científico como sus proyectos de iniciar en Chile un programa de doctorado en Bioquímica, me llevaron a realizar mis estudios de doctorado en el extranjero, entrenándome en los principios del plegamiento de las proteínas usando citocromo c como modelo. Posteriormente, queriendo complementar mi formación química con una mirada más biológica, realicé estudios sobre la importancia fisiológica de las propiedades de las enzimas utilizando a la fosfofructoquinasa, enzima que me ha acompañado hasta hoy. Esta cataliza una de las reacciones claves de la glicólisis, se ha estudiado de varias fuentes y es regulada alostéricamente. Mediante un enfoque multidisciplinario, nuestro grupo ha determinado por medio de rayos X la estructura de la fosfofructoquinasa-2 de *E. coli* en presencia de distintos ligandos, lo que nos ha permitido, junto a estudios de cinética enzimática y de plegamiento y estabilidad, proponer un mecanismo novedoso de regulación alostérica de la enzima que involucra la interacción directa entre el ATP como efector alostérico y el ATP como sustrato.

Por cierto que hay otros amores.....

(Fondecyt 1090336).

Simposios



BR

SIMPOSIO SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE EL VALOR DE LA BIODIVERSIDAD DEL ARCHIPIÉLAGO DE JUAN FERNÁNDEZ

Coordinador: Cecilia Smith

LOS BOSQUES DE LA ISLA ROBINSON CRUSOE, ENDEMISMOS EN PELIGRO (The forest on Robinson Crusoe Island, endemisms in danger).

Vargas, R.¹, Reif, A.¹, Smith-Ramírez, C.².

¹ Instituto Silvicultura, Universidad de Friburgo, Alemania.

² Instituto Ecología y Biodiversidad (IEB).

El Archipiélago Juan Fernández (AJF; Chile, 33° 78'S) se compone de tres islas oceánicas que en < 0,01% del territorio nacional (ca. 100 km²), acumulan > 5% de las plantas vasculares endémicas de Chile. Casi un tercio de las especies de avifauna endémica chilena residen en AJF. Robinson Crusoe (RC) posee más plantas endémicas por área que cualquier otra isla del mundo (1,9 spp endémicas/km²). Dos tercios de las plantas endémicas de AJF se consideran en peligro, ocho de estas se han extinguido en los últimos 80 años. El AJF es prioridad de conservación para la biodiversidad a escala local, nacional y global. El objetivo de este trabajo fue identificar necesidades de conocimiento en AJF, y reconocer formaciones vegetacionales para conservar aves y plantas. Revisamos el estado del arte sobre investigación en el AJF y analizamos las necesidades de conservación de los tipos de vegetación, considerando riqueza de especies de aves y plantas, cantidad de plantas exóticas invasivas. La investigación en AJF se ha centrado en taxonomía botánica de especies singulares. El mayor número de aves y plantas endémicas se ubica en el bosque montano. En estas áreas se deberían concentrar los esfuerzos de conservación. Estudios en ecología, procesos y manejo de los bosques del AJF han sido escasamente tratados.

Agradecimientos: CONAF.

ESTADO DEL CONOCIMIENTO Y CONSERVACIÓN DE LAS ESPECIES DE AVES ENDÉMICAS DEL ARCHIPIÉLAGO DE JUAN FERNÁNDEZ

Haen, E.

Island Conservation (ONG).

Las islas del Archipiélago de Juan Fernández están reconocidas por su biodiversidad y alto nivel de endemismo, pero además representan uno de los ecosistemas más vulnerables a nivel mundial. Las islas albergan 15 especies de aves reproductoras/residentes, de las cuales seis se encuentran amenazadas. Dos especies de aves terrestres endémicas a una isla están en peligro crítico de extinción. Las amenazas principales a aves endémicas al archipiélago incluyen la depredación de huevos, polluelos y adultos por mamíferos introducidos; y la pérdida y alteración de hábitat de nidificación y alimentación por especies de animales y plantas introducidas. Adicionalmente, para la mayoría de las especies de aves hay una falta de conocimiento sobre su ecología y población, y una falta de un plan de acción de conservación. Las tendencias poblacionales de estas especies son poco estudiadas, pero registros actuales sugieren disminución de poblaciones y empeoramiento del estado de conservación. Para evitar extinciones

inminentes de aves endémicas del Archipiélago de Juan Fernández requiere una inversión en su conservación prolongada para 1) generar y seguir planes de acción de conservación para aves; 2) restaurar las islas incluyendo acciones dirigidas a eliminar las amenazas generadas por especies introducidas; y 3) monitorear a las poblaciones a largo plazo para detectar cambios poblacionales.

Agradecimientos: P. Hodum, I. Hahn, C. Estades, J. Tomasovic, M. V. López-Calleja, PNAJF.

PLANTAS INVASORAS EN LA ISLA ROBINSON CRUSOE: EXPANSIÓN, DISPERSIÓN, DINÁMICA Y RESTAURACIÓN (Invaders plants on Robinson Crusoe island: expansion, dispersal seeds, dynamic and restoration).

Smith-Ramírez, C.¹, Arellano G.¹, Faúndez, M. J.¹, Mora J. P.¹, Díaz I.¹, Gutiérrez H.¹, Castillo, J.¹, Zúñiga J.¹, Ramírez L.¹ & Hagen E.².
Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Island Conservation.

La biodiversidad de Juan Fernández se encuentra amenazada por la invasión de plantas (principalmente maqui (*Aristotelia chilensis*), mora (*Rubus ulmifolius*) y murta (*Ugni molinae*)). Se ha propuesto que en 70 años estas plantas desplazarán gran parte del bosque nativo de Robinson Crusoe (RC). Realizamos estudios que determinaron tasas de cambio, dinámicas de invasión y dispersión de semillas de invasoras, determinamos sitios prioritarios a restaurar, disposición de los habitantes de RC a hacerlo y costos. Los resultados muestran que las invasoras ocupan 45% de la cobertura boscosa de RC y están en aumento. Maqui y mora invaden claros de bosque y deslizamientos de tierra. Murta invade sitios muy abiertos como laderas y roqueríos. Los claros más grandes, a menos elevación y pendiente fueron más invadidos. Maqui ocupa principalmente centros y mora centros y bordes de claros. Ambas invasoras presentan mayor establecimiento en micrositios de desraizamiento de árboles. Zorzal y viento dispersan las semillas en la misma proporción. Zorzal afecta negativamente la germinación de murta, no hubo efecto con maqui y mora. Se identificaron quince áreas prioritarias a restaurar, los habitantes tienen alta disposición a hacerlo, los costos son varias decenas de millones de dólares.

Agradecimientos: IEB, CASEB, CONAF.

SIMPOSIO PALEOESCENARIOS EVOLUTIVOS DE CHILE

Coordinador: Marco Méndez

ASPECTOS PALEO-CLIMÁTICOS DE LA PATAGONIA CHILENA DESDE LA PERSPECTIVA MARINA (Paleoclimatic aspects of the Chilean Patagonia, a marine perspective).

¹Rebolledo, L., ¹Lange, C. B., ²Kilian, R., ³Lamy, F., ⁴Aracena C., ³Caniupán, M., ⁴Sandoval, S.

¹ Departamento Oceanografía y Centro COPAS, UDEC, Chile.

² Lehrstuhl für Geologie Universidad Trier, Alemania.

³ Alfred Wegener Institut, Bremerhaven, Alemania.

⁴ Programa de Postgrado en Oceanografía, UDEC, Chile.

En esta charla, presentaré nuevos datos de testigos sedimentarios marinos colectados en Patagonia sur y el Estrecho de Magallanes. El testigo MD07-3132 (53°44.17'S, 70°19.03'W, Canal Whiteside) cubre los últimos 15 kyr BP y provee evidencias de i) las fluctuaciones de la productividad durante el Tardiglacial y el Holoceno que están asociadas con el proceso de transgresión marina desde el Pacífico (14.5–13.5 kyr BP) y el Atlántico (9–8 kyr BP; e ii) periodos asociados a avances glaciares durante el Holoceno que en su mayoría se reflejan en una caída en la productividad biogénica.

La reconstrucción de la temperatura superficial del mar (TSM) durante el Holoceno tardío se basó en testigos colectados en Patagonia norte (fiordo Jacaf PC33; ~44° S) y sur (Canal Concepción MD07-3124; ~51° S y Canal Wide JPC-42; ~50° S), y del área de Magallanes (Canal Puerto Churrúa CHURR; ~53° S). Estos registros fueron comparados con testigos más oceánicos (41°S y 43°S) y todos revelan una tendencia al enfriamiento en los últimos 600-800 años sugiriendo que este enfriamiento no es un evento local sino un evento regional.

Agradecimientos: Centro FONDAP COPAS por financiamiento.

LEGADOS CENOZOICOS A LOS PATRONES BIOGEOGRÁFICOS DE LOS BOSQUES DEL SUR DE SUDAMÉRICA (Cenozoic legacies to the biogeographic patterns of southern South American forest).

Hinojosa L. F.^{1,2}; Pérez F.^{2,3}; Bosshard M.^{1,2} Gaxiola A.²; Gutiérrez N. M.^{1,2}; Segovia R.^{1,2}; Montenegro P.^{1,2}.

¹ Laboratorio de Paleocología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Instituto Milenio de Ecología y Biodiversidad.

³ Pontificia Universidad Católica de Chile.

Los bosques del sur de Sudamérica (sur 30° S) han sido considerados una verdadera "isla biogeográfica" dado que se encuentran aisladas de otras formaciones de bosques dentro y fuera del continente. Esta isla presenta patrones fitogeográficos que se relaciona directamente con la historia geológica, climática y vegetacional de su flora de, al menos, los últimos 65 Millones de años. En la presente contribución revisaremos los antecedentes paleobotánicos, paleoclimáticos y filogeográficos que darían cuenta de estos patrones biogeográficos, con énfasis en el registro paleobotánico y paleoclimático a escalas de millones de años (pre-Pleistoceno) y algunos avances en filogeografía genética y el impacto del último máximo glacial en la distribución de taxa forestales en Chile.

Agradecimientos: Fondo Nacional de Ciencia y Tecnología (Chile) proyectos 2000025; 1060041; 1090339; 1110929. Instituto de Ecología y Biodiversidad P05-005 (MIDEPLAN) y PFB-23 (CONICYT).

EVOLUCIÓN CLIMÁTICA DEL DESIERTO DE ATACAMA A ESCALAS TEMPORALES DE MILLONES, MILES Y CIENTOS DE AÑOS (Climatic evolution of the Atacama Desert at tectonic, millennial and centennial timescales).

Latorre, C.^{1,2}.

¹ CASEB/Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

El desierto de Atacama es una región hiperárida que yace a los pies de la cordillera de los Andes y es flanqueado hacia el oeste por el Pacífico. El clima se debe al acoplamiento positivo entre componentes atmosféricos, oceánicos y la litosfera. La hiperaridez remonta al Mioceno tardío (9 Ma) con la intensificación de la corriente fría de Humboldt y el levantamiento de la cordillera de los Andes.

Durante la última transición glacial-interglacial (17-9 ka), extensos eventos pluviales son evidenciados por la formación de paleolagos, incrementos de los niveles freáticos, existencia de ríos perennes, aumentos de precipitaciones locales y el descenso de especies altoandinas hacia el margen superior actual del desierto. La presencia de estas especies indicaría que la zona altoandina es un importante refugio actual para la flora regional. Recientemente, hallazgos arqueológicos demuestran que el núcleo hiperárido del Atacama no constituyó una barrera para la migración de las poblaciones humanas durante este periodo.

Nuevas evidencias paleoecológicas y arqueológicas revelan importantes fluctuaciones de las precipitaciones durante los últimos 2.500 años. El más importante ocurrió entre 650 a 1.050 años AP (Anomalía Climática Medieval) y generó fuertes impactos sobre la biota y los recursos hídricos de este desierto.

CASEB, IEB y PFB23, FONDECYT 1100916.

RECONSTITUCIÓN DE LA ESCENA DE CRIMEN PARA LA EXTINCIÓN DE LA MEGAFUNA PLEISTOCÉNICA EN PATAGONIA SW (Crime scene reconstruction for the extinction of the Pleistocene megafauna in SW Patagonia).

Moreno, P. I.¹, Villa-Martínez, R.², Metcalf, J.³, Cooper, A.³.

¹ IEB y Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

² CEQUA, Punta Arenas, Chile.

³ Australian Centre for Ancient DNA, University of Adelaide, Adelaide, Australia.

La extinción de megamamíferos al término de la última glaciación es un tema que ha fascinado a las bio y geociencias durante décadas, ha nutrido y se ha alimentado de numerosos estudios arqueológicos y constituye una de las extinciones pasadas mejor documentadas del registro fósil. Escuelas antagónicas han enfatizado, por un lado, el rol de la sobrematanza humana como causa clave y, por otro, las rápidas y profundas transformaciones paleoambientales como gatillo último y fundamental. Recientemente se ha postulado el impacto de asteroides como promotor de la extinción de la megafauna, contemporánea con abundantes paleofuegos y extinción de la cultura Clovis en Norteamérica. En esta presentación nos focalizamos en el sector Última Esperanza (51°S), un área particularmente apta para examinar en detalle la evolución paleogeográfica, paleovegetacional y paleoclimática, así como la ocurrencia de paleofuegos, presencia humana temprana y fauna extinta. El registro indica condiciones frías e hiperhúmedas durante el término de la última glaciación, intensa variabilidad climático-vegetacional a escala de tiempo milenial, retrocesos/reavances glaciales, variaciones en la ocurrencia de paleofuegos y rápido establecimiento de bosque magallánico gatillados por un abrupto calentamiento y disminución de precipitaciones a inicios del Holoceno. Fauna extinta persistió en la región hasta este punto de la revolución paleoambiental, luego de coexistir con humanos por al menos 1200 años, lo cual sugiere que el abrupto inicio del Holoceno fue el tiro de gracia que llevó a la extinción de la megafauna pleistocénica.

Agradecimientos: FONDECYT 1110612, ICM P05-002, PFB-23

SIMPOSIO FLORA Y VEGETACIÓN URBANA

Coordinadoras: Gloria Rojas - Sonia Reyes

VEGETACIÓN PERIURBANA Y SU RELACIÓN CON LOS SERVICIOS ECOSISTÉMICOS: EL CASO DEL SECTOR ORIENTE DE SANTIAGO, CHILE (Periurban vegetation and its relationship with ecosystem services: a study case in the piedmont of Santiago city).

de la Barrera, F.¹, Moreira, D.².

¹ Facultat de Geografia i Història, Universitat de Barcelona, España.

² Department of Biological Sciences, University of Alberta, Edmonton, AB, Canadá.

La evolución de la estructura biofísica de la vegetación nativa periurbana de Santiago ha sido reportada por diferentes estudios. Estos han mostrado que la vegetación nativa de carácter arbustivo y arbóreo se encuentra actualmente restringida a sectores discretos, como consecuencia directa de la expansión urbana sobre los ecosistemas nativos. Este trabajo revisa y actualiza la evolución de la vegetación periurbana del sector oriente de Santiago, describiendo los principales cambios estructurales y su relación con características geomorfológicas y legales que han sido restrictivas para el desarrollo urbano. Luego, entrega una mirada acerca de los usos que se le da a esta vegetación por parte de la población de Santiago, y una propuesta de cómo gestionarla para maximizar la producción y uso de servicios ecosistémicos hacia la cuenca. Finalmente se analiza un caso de evolución de vegetación urbana y su asociación con el fenómeno de la urbanización en los últimos 20 años.

FLORA URBANA EN CHILE (Urban flora in Chile).

Rojas, G.

Museo Nacional de Historia Natural, Santiago.

Desde épocas prehispánicas se han introducido plantas a este territorio, en un principio fueron de uso doméstico y posteriormente con uso ornamental, y es entonces, cuando comienza un fuerte cambio en el área urbana, de sitios eriazos pasa a arboledas y parques con progresivo aumento de árboles exóticos. Con el fin de evaluar este cambio se usa la palinología, y a través del Jaccard Cluster Análisis, se compara la presencia de especies en los registros de polen aéreo de 4 ciudades de Chile distantes entre sí y de cada ciudad con el área fitogeográfica que le corresponde, y entre las áreas fitogeográficas. Para comprobar los efectos en la población de la flora existente, se hace una correlación de la concentración de polen y la cantidad de test positivos a la polinosis, se analiza también la composición florística de cada ciudad y se estudia sus efectos y consecuencias en el área urbana. El resultado señala índices de similitud entre el 14 al 56% entre las ciudades, entre las ciudades y su entorno natural de 0 a 11%, entre las zonas fitogeográficas es de similar a este último. La concentración de polen y el aumento de los test cutáneos positivos a la alergia existe una clara correspondencia. La composición florística evidencia un porcentaje superior al 80%: de especies, anemófilas, caducifolios y de origen exótico.

Se concluye se evidencian un claro efecto de artificialidad y homogenización del paisaje urbano y una influencia negativa en la salud pública.

VARIABILIDAD ESPACIO TEMPORAL DE LA COBERTURA VEGETAL DE LA CIUDAD DE SANTIAGO: UNA APROXIMACIÓN BASADA EN ÍNDICES DE VEGETACIÓN DE RESOLUCIÓN MODERADA (Space-time variability of the vegetation cover in the city of Santiago: an approach based on vegetation indices of moderate resolution).

Miranda, M.

Departamento de: Ecosistemas y Medio Ambiente Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile.

La cobertura arbórea (CA) de las ciudades es un atributo biológico fundamental que se relaciona directamente con la calidad ambiental de estas. La ciudad de Santiago, como muchas grandes ciudades, presenta un constante proceso de densificación y expansión urbana que afecta la CA, alterando así su calidad ambiental. Cuantificar este importante proceso, resulta hoy difícil debido a la falta de datos de inventarios de CA con alta resolución espacial y temporal. Este trabajo explora el uso de índices de vegetación de resolución moderada (IVRM) en la estimación de la tasa de cambio de CA en el casco urbano de Santiago en un período de 10 años. Los resultados muestran: a) la existencia de una relación positiva entre los IVRM y la CA obtenida de inventarios en terreno; b) una tasa de cambio temporal negativa sobre la ciudad la que alcanza un valor promedio de -9,2% y c) una estructura espacial de cambio dominada por una anisotropía zonal de dirección de variabilidad mínima este-oeste. Finalmente se plantea la hipótesis que el cambio en CA está asociado a la dinámica diferencial de urbanización que presentan las comunas de la ciudad en el período de estudio.

SIMPOSIO

GENES Y PROTEÍNAS INVOLUCRADOS EN EL DIAGNÓSTICO, PROGRESIÓN Y DISEÑO DE BLANCOS TERAPÉUTICOS EN CÁNCER

Coordinador: Carmen Romero

PREDISPOSICIÓN GENÉTICA AL CÁNCER DE MAMA E IDENTIFICACIÓN DE BLANCOS TERAPÉUTICOS.

Jara, L.

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

El cáncer de mama (CM) es el más común en mujeres en el mundo. El principal factor de riesgo es la predisposición genética para CM en la cual intervienen genes de: a) alta penetrancia (BRCA1 y BRCA2 y TP53); b) de moderada penetrancia y c) alelos de baja penetrancia. La comprensión de los mecanismos biológicos que subyacen a los genes involucrados en la predisposición al CM, está permitiendo el desarrollo de nuevas terapias. Los roles de BRCA1 y BRCA2 en la reparación del DNA plantea la posibilidad de que los portadores de mutaciones en estos genes sean tratados con drogas basadas en platinos. Alternativamente, se está explorando el tratamiento con inhibidores de la enzima Poly (ADP-ribosa) polimerasa (PARP). La inhibición de PARP aumenta las lesiones del DNA que son reparadas por recombinación homóloga, mecanismo en el cual participan BRCA1 y BRCA2. Las células deficientes en la proteína BRCA1 o BRCA2 son extremadamente sensibles a la inhibición de PARP, produciéndose detención del ciclo celular, inestabilidad cromosómica y muerte celular. Así, los inhibidores de PARP son letales para las células tumorales BRCA homocigotas, pero no confieren toxicidad demostrable en las células heterocigotas. Recientemente se han identificado SNPs de baja penetrancia en los genes FGFR2 y en MAP3K1 ambos involucrados en una vía de transducción de señales que activa varios genes involucrados en la tumorigénesis. Por lo anterior, podrían constituir posibles blancos terapéuticos.

CÉLULAS TRONCALES TUMORALES EN CÁNCER PROSTÁTICO. IDENTIFICACIÓN Y POTENCIALES BLANCOS TERAPÉUTICOS (Stem cells in prostate cancer. Identification and potential therapeutic targets).

Castellón, E. A. Contreras, H. R. Huidobro, C. Arias, J., Valenzuela, R., Lillo, J., Castillo, V.

Laboratorio de Andrología Celular y Molecular. Programa de Fisiología y Biofísica. ICBM. Facultad de Medicina. Universidad de Chile.

La presencia de células tumorales con características de troncalidad o Cancer Stem Cells (CSC) se ha reportado y estudiado en diferentes tipos de cáncer, existiendo evidencia que estas podrían ser responsables de la capacidad metastásica, la recurrencia y la resistencia a los diferentes tratamientos oncológicos. En particular el cáncer prostático (CaP) se ha posicionado como la segunda causa de muerte oncológica masculina en el mundo, estando esta mortalidad asociada al proceso metastático. En nuestro laboratorio hemos desarrollado sistemas de cultivos celulares a partir de tejido tumoral prostático en los cuales estudiamos

varios aspectos del CaP, como sensibilidad hormonal, resistencia a drogas y el efecto de varios compuestos con potencial terapéutico. Recientemente hemos identificado CSC en biopsias y cultivos celulares de CaP. Utilizando marcadores de troncalidad como CD133, CD44, ALDH2, ABCG2, entre otros, hemos observado un patrón de expresión característico en relación al grado histológico del tumor con un máximo en grados intermedios. También hemos obtenido poblaciones enriquecidas en CSC a través de Magnetic-Associated Cell Sorting (MACS) e inducción de crecimiento de esferas tumorales (prostatósferas). Actualmente está en curso su caracterización genética, molecular y funcional. Los resultados de qPCR array muestran varios genes de pluripotencialidad sobreexpresados en estas células. Estos genes pueden representar adecuados marcadores diagnósticos y pronósticos, así como nuevos blancos orientados hacia una terapia focalizada en CSC en el CaP.

Financiamiento: Proyecto Fondecyt 1100183.

ROL DEL RECEPTOR TRKA COMO UN NUEVO MARCADOR TUMORAL, INVOLUCRADO EN LA ANGIOGÉNESIS DEL CÁNCER OVÁRICO EPITELIAL (Role of TRKA receptor as a new tumour marker, involved in epithelial ovarian cancer angiogenesis).

Romero, C., Tapia V., Gabler F., Selman A., Vega M.

Laboratorio de Endocrinología y Biología Reproductiva. Departamento de Obstetricia y Ginecología. Facultad de Medicina. Hospital Clínico Universidad de Chile.

El cáncer ovárico epitelial (COE) por ser una patología silente se diagnostica tardíamente y tiene una mala respuesta a las terapias, con una baja sobrevida. Se caracteriza por ser altamente angiogénico siendo el factor de crecimiento de endotelio vascular (VEGF) el más importante en esta enfermedad. La expresión de VEGF en COE es regulada por el factor de crecimiento nervioso (NGF) por activación de su receptor de alta afinidad, TRKA indicando que NGF estaría involucrado indirectamente en la angiogénesis ovárica. Actualmente, se están evaluando nuevas terapias antiangiogénicas (con anticuerpos anti-VEGF) en conjunto con las quimioterapias. Sin embargo, no han dado los resultados esperados. Al evaluar la expresión del receptor TRKA total y fosforilado en tejidos ováricos normales, tumores benignos, borderline y COE encontramos un aumento significativo en la expresión de este receptor desde tumores borderline a COE, tanto en las células epiteliales como en las células endoteliales de esta patología; indicando que TRKA podría considerarse como un nuevo marcador tumoral de mal pronóstico y que NGF es un factor angiogénico directo e indirecto en COE.

Financiamiento: Fondecyt 1110372.

SIMPOSIO ECOLOGÍA Y CONSERVACIÓN MARINA DE ISLAS OCEÁNICAS

Coordinadores: Álvaro Palma - Carlos Gaymer

CONSERVACIÓN EN ISLAS OCEÁNICAS: EL CASO DE MOTU MOTIRO HIVA Y RAPA NUI (Oceanic Islands Conservation: The case of Motu Motiro Hiva and Rapa Nui).

Gaymer, C. E.^{1, 2}; Friedlander, A.^{3, 4}; Beets, J.³; Ballesteros, E.⁵; Muñoz, A.⁶; Sala, E.⁷.

¹ Departamento de Biología Marina, Universidad Católica del Norte, Chile.

² Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA).

³ University of Hawaii, USA.

⁴ U.S. Geological Survey, USA.

⁵ Consejo Superior de Investigaciones Científicas, España.

⁶ OCEANA, Chile.

⁷ National Geographic Society, USA.

cgaymer@ucn.cl

La conservación de las islas oceánicas ha ganado importancia en los últimos dos años. Varias expediciones organizadas por instituciones extranjeras y nacionales a Motu Motiro Hiva (MMH) y Rapa Nui (RN), han puesto en valor la biodiversidad de la ecorregión de Isla de Pascua y de uno de los últimos ecosistemas marinos prístinos del mundo en Motu Motiro Hiva. Esto logró catalizar la declaración de áreas protegidas en ambas islas por parte del Estado, que han sido apoyadas por el pueblo Rapa Nui, consciente de la necesidad de proteger su medio ambiente marino. Ambas islas albergan los más altos niveles de endemismo de peces de arrecife para islas oceánicas de nuestro planeta. MMH se diferencia de RN en la gran abundancia de depredadores tope y en una biomasa de peces 3 veces superior a la de RN. En MMH se observó la presencia de una pirámide trófica invertida, característica de los pocos ecosistemas marinos prístinos que quedan en el planeta. Por otro lado, existe una alta cobertura (50%) de coral en excelentes condiciones a pesar de estar en el límite sur de distribución de estas especies.

Las actividades pesqueras son la mayor amenaza actual en MMH y RN.

MMH podría funcionar como fuente de propágulos para RN gracias a la conectividad facilitada por los montes submarinos que abundan entre estas dos islas.

Organizado y financiado por Oceana, National Geographic, Waitt Institute for Discovery y Armada de Chile.

IMPULSANDO POLÍTICAS DE CONSERVACIÓN MARINA EN CHILE (Advancing marine conservation policies in Chile).

Muñoz, A.

Vicepresidente para Sudamérica.

OCEANA amunoz@oceana.org

Chile tiene un déficit importante en materia de conservación marina. Las áreas marinas protegidas aún cubren una parte menor de las aguas de la zona económica exclusiva chilena; los principales stocks pesqueros están sobreexplotados, evidenciando serios problemas de manejo; importantes ecosistemas marinos vulnerables están desprotegidos frente a los impactos de la pesca de arrastre, entre otros problemas.

El aumento progresivo en el conocimiento científico sobre ecosistemas, especies e impactos de la actividad pesquera no siempre va de la mano de los progresos en políticas públicas y medidas de conservación marina. Por distintas razones, persiste un grado de desconexión entre el mundo científico y los procesos políticos y sociales que son relevantes al momento de avanzar en acciones destinadas a proteger los océanos. El diseño, adopción e implementación de políticas públicas de conservación marina, generalmente requiere de la articulación, coordinación y conducción de distintos actores para llevarse a cabo efectivamente. Es fundamental procurar una sólida base científica que brinde soporte a dichas iniciativas de conservación. Asimismo, es necesario elaborar estrategias comunicacionales, políticas y sociales para lograr transmitir los mensajes precisos a los tomadores de decisión y personas o grupos que se verán afectados, para así lograr los resultados esperados. OCEANA ha cumplido este rol estratégico en distintas propuestas de áreas marinas protegidas y leyes relativas al cuidado del medio ambiente marino. Para ilustrar este papel expondremos el trabajo realizado en Isla de Pascua y Salas y Gómez, entre otros.

130 AÑOS DE ACTIVIDADES PESQUERAS EN EL ARCHIPIÉLAGO DE JUAN FERNÁNDEZ: HISTORIA, MISTERIOS Y REALIDADES (130 year of fisheries activities in the Juan Fernandez archipelago: history, mysteries and present situation).

¹Arana P. M.

¹ Escuela de Ciencias del Mar Pontificia Universidad Católica de Valparaíso Casilla 1020, Valparaíso, Chile.

A contar del descubrimiento del archipiélago en 1574, diversos navegantes, corsarios y piratas registraron en sus escritos las bondades de estas islas para dar descanso a sus agotadas tripulaciones, hacer agua y víveres, a la vez que destacaban la calidad y abundancia de recursos marinos con los que se surtían. No obstante, fue solo a partir de 1880 cuando se da inicio a la explotación sostenida de peces y langosta, al otorgar el gobierno chileno en arriendo las islas al suizo Karl Alfred von Rodt. Desde entonces, la langosta de Juan Fernández (*Jasus frontalis*) constituye el motor económico que sustenta la comunidad isleña, dedicada principalmente a la pesca de este crustáceo. Las actividades pesqueras representan un fuerte impacto sobre los organismos marinos. Los requerimientos de carnada y el interés por expandir la venta de peces han motivado la disminución de algunas especies, mientras que los registros de desembarque de la langosta son 50% inferiores a las obtenidas en la década del 50. Después de constituir por muchos años un territorio lejano y olvidado, hoy estas islas despiertan interés creciente por investigar sus aguas, los organismos y en gestionar la explotación de los mismos. El destino de este archipiélago continuará dependiendo de la pesca, aunque deberá focalizar su futuro en el turismo, actividad que estará estrechamente ligada al mar y a sus recursos marinos.

ENDEMISMO EN ESPECIES CON FASE LARVAL DISPERSIVA EN ISLAS OCEÁNICAS: PERSPECTIVAS DESDE EL MEROPLANCTON (Endemism in species with dispersive larval phase in oceanic islands: perspectives from the meroplankton).

¹Palma, A. T., ²Gaymer C. A. & ³Landaeta M. F.

¹ Departamento de Ecología & Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity (CASEB), Pontificia Universidad Católica de Chile.

² Departamento de Biología Marina & Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Universidad Católica del Norte.

³ Facultad de Ciencias del Mar y de Recursos Naturales, Universidad de Valparaíso.

A pesar de poseer ciclos de vida que atraviesan por una fase larval dispersiva, en las islas oceánicas frente a la costa centro-norte de Chile ocurren especies marinas costeras endémicas. En particular en algunos grupos conspicuos como decápodos (jaibas y langostas) y peces intermareales y submareales, la duración de estos períodos larvales puede ser especialmente prolongada, resultando así paradójico que se mantenga su endemismo. Si bien se puede invocar la ocurrencia de sistemas mayores de circulación oceánica a nivel regional que explicarían la ocurrencia de estas especies entre sistemas de islas separadas por cientos de kilómetros, aunque no en el continente, desconocemos los mecanismos que efectivamente mantienen confinada la fase larval de estas especies a la escasa línea costera que ofrecen estas islas. Proponemos como hipótesis la operación de mecanismos biofísicos (i.e. comportamiento larval acoplado con las dinámicas de circulación) que favorecen el autorreclutamiento. Si bien este mecanismo ha sido propuesto para otros sistemas (incluidos sistemas insulares), son escasos los ejemplos en sistemas tan aislados como el nuestro. A través de ejemplos específicos, con resultados obtenidos en el archipiélago de Juan Fernández desde 2008, presentamos resultados inéditos que nos acercan a entender los mecanismos asociados con la mantención del endemismos y aislamiento extremo de las especies marinas costeras con larvas pelágicas.

Fondocyt: 1080009.

SIMPOSIO ECOLOGÍA Y EVOLUCIÓN: ENFOQUES COMUNITARIOS DESDE MÚLTIPLES ESPECIES

Coordinador: Florence Tellier

ALGUNAS OBSERVACIONES SOBRE LA DINÁMICA ECOLÓGICA Y EVOLUTIVA EN EL ENCUENTRO DE DOS BIOTAS EN UNA ZONA DE TRANSICIÓN BIOGEOGRÁFICA (Some observations of the ecological and evolutionary dynamics in the encounter of two biotas in a biogeographic transition zone).

Broitman^{a, b} B. R.

^a Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile.

Along the southeastern Pacific, the region around 30S is associated to persistent and abrupt environmental gradients, and harbors the edge of the range for several species of distinct biogeographic origin. A narrow overlapping zone provides a unique opportunity to test ecological and evolutionary hypothesis of multiple mechanisms driving the edge of the range in several species simultaneously. We present results of an ongoing study of two species of subpolar algae and two species of subtropical invertebrates. We show that among several competing hypothesis none can fully explain the edge of the range. All hypothesis were rejected for one of the invertebrates. For the rest of the species, it is suggested that mechanisms acting over ecological and evolutionary time scales may interact to determine the edge of the range. In particular, consumer-resource dynamics between algae-invertebrate pairs, spatiotemporal variation in abundance and latitudinal variation of stress biomarkers are related to genetic population structure across populations. Regardless of taxonomy or origin, ecological drivers of local population size and variability, either through recruitment limitation or trophic relations, seem to curtail local adaptation processes. Thus, genetically structured populations are more vulnerable to environmental and ecological drivers of local extinction.

Patrocinio: FONDECYT 1090488.

INFLUENCIA CONTRASTADA DE LOS FACTORES ESPACIALES Y ECOLÓGICOS SOBRE LA DIVERSIDAD GENÉTICA ENTRE DOS ESPECIES DE INVERTEBRADOS DULCEACUÍCOLAS (Contrasting influence of spatial and ecological factors on the genetic diversity of two freshwater invertebrate species).

Gouin, N.¹, Bórquez, J.², Bertin, A.³, y Figueroa, R.⁴

¹ Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas, La Serena.

² Programa de Doctorado en Sistemática y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

³ Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de La Serena.

⁴ Unidad de Sistemas Acuáticos, Centro de Investigación en Ciencias Ambientales-EULA.

La diferenciación poblacional es el resultado de una combinación de procesos evolutivos, ecológicos y estocásticos que operan en diferentes escalas espaciales y temporales. En los ecosistemas acuáticos lóticos, las especies enfrentan gradientes de condiciones ambientales a los cuales deben adaptarse. Sin embargo, no todas responden de la misma manera a su ambiente biótico y abiótico. En este estudio, se evaluó el efecto de los procesos espaciales y ecológicos (índices de calidad de agua, zona ribera, hábitat fluvial, así como de índices de biodiversidad de macroinvertebrados) sobre la diversidad genética del gen de la citocromo oxidasa I en dos especies de invertebrados acuáticos: el gastrópodo *Chilina dombeyana* (CD) y el insecto *Aquarius chilensis* (AC). Ambas especies muestran una estructuración genética significativa ($F_{SC}=0.167$ y 0.393 , respectivamente), pero de mayor amplitud y solamente estructurada según un patrón aislamiento por distancia en CD. Mientras correlaciones significativas entre diversidad nucleotídica e índices de calidad de agua y de la zona ribera se encontraron en ambas especies ($r=-0.40$ y -0.041 respectivamente en CD y $r=0.51$ y 0.66 en AC), la dirección y fuerza de las correlaciones detectadas fueron diferentes, siendo positivas y mucho más fuertes en AC. Eso sugiere que ambas especies son afectadas por distintas variables ambientales, y/o que AC puede ser más sensible a la calidad local del agua. Esta hipótesis está también soportada por la detección de una relación positiva entre diversidad genética de esta última especie y diversidad específica en comunidad de macroinvertebrados. Futuros estudios son necesarios para elucidar los mecanismos involucrados.

Patrocinio: Florence Tellier.

Agradecimientos: Proyecto Fondecyt 1090404.

BIODIVERSIDAD Y MANEJO DE BOSQUES MARINOS DE KELP: EJEMPLO DE ESPECIES COMPETIDORAS
(Biodiversity and management of marine kelp forests: Example of competing species).

Valero, M., Oppliger, V., Lamy, T., Daguin, C., Mauger, S., Robuchon, M., Tellier, F., Destombe, C.
Station Biologique, Roscoff, UMR-CNRS/UPMC-7144, Francia.
LIA-DIAMS. PUCCh Santiago.

To understand the dynamics and to predict changes in kelp forests biodiversity, we used an interdisciplinary approach for two species having contrasted life histories: *Laminaria digitata* (*Ld*: perennial, dominant in Brittany and harvested) and *Saccorhiza polyschides* (*Sp*: annual, opportunistic species). The phylogeographic studies showed different histories between these species: at its southern range limit, *Ld* is showing a significant decrease of genetic diversity while the diversity of the opportunistic species *Sp* is near its maximum. Interestingly, we show that the highest reservoir of genetic diversity of *Ld* is found in NW-Brittany, close to its range limit and in places where it is highly harvested. In addition, algal responses to temperature at range limit compared to core populations were compared both in the field and under controlled conditions suggesting that parthenogenesis is more likely to arise at the range limits, where populations are sparse, fragmented, and more prone to local extinctions. Finally, Brittany populations of *Ld* were sampled at two dates revealing a strong effect of small population sizes on the genetic instability of isolated populations which have implications for managing this genetic resource. This study provided basic knowledge needed for the delineation of Marine Protected Areas and for sustainable management of marine resources.

ADAPTACIÓN A LA SOMBRA EN PLANTAS TREPADORAS VS. ÁRBOLES DEL BOSQUE VALDIVIANO: PATRONES Y MECANISMOS
(Adaptation to shade in climbing plants vs. trees from the Valdivian forest: patterns and mechanisms).

Gianoli, E.
Departamento de Biología, Universidad de La Serena.

Las plantas trepadoras dependen de la disponibilidad de un soporte físico para alcanzar estratos superiores y evitar la sombra. La dominancia de trepadoras leñosas muestra una tendencia creciente en bosques maduros a nivel global. El hábito trepador ha aparecido muchas veces durante la evolución de las plantas: más de 130 familias tienen especies trepadoras. Patrones macroevolutivos indican que el hábito trepador es un atributo clave en la evolución de las plantas superiores, confiriéndole una mayor diversificación a los clados que lo presentan. Por todo lo anterior, es de interés preguntarse por los mecanismos detrás de esos patrones de éxito taxonómico y ecológico de las plantas trepadoras, en comparación con los árboles. Es particularmente relevante abordar esta problemática en bosques maduros, en los que el dosel frecuentemente no se alcanza y entonces la adaptación a la sombra es clave para la persistencia de las especies. Esta presentación muestra evidencias de que las plantas trepadoras se comportan de manera similar a los árboles en cuanto a respuestas de adaptación a la sombra, particularmente ecofisiológicas, en un bosque valdiviano maduro. Sin embargo, también muestra aspectos diferenciales entre estos dos grupos de plantas, específicamente en el valor selectivo de ciertos atributos, lo que podría contribuir a explicar los patrones señalados.
FONDECYT 1100585.

SIMPOSIO INVASIONES BIOLÓGICAS

Coordinador: Ramiro Bustamante - Aníbal Pauchard

INVASIÓN DE *PINUS CONTORTA* EN LA PATAGONIA: PATRONES ESPACIALES E INTERACCIONES (*Pinus contorta* invasion in Patagonia: spatial patterns and interactions).

Langdon B.^{1,3}, Pauchard, A.^{1,3} y Cavieres, L.^{2,3}

¹ Laboratorio de Invasiones Biológicas, Universidad de Concepción.

² Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

³ Instituto de Ecología y Biodiversidad.

La investigación sobre la invasión de coníferas realizada hasta la fecha se ha enfocado en el estudio de aquellos atributos que les conceden ventajas en el nuevo ambiente y en la susceptibilidad de ciertos hábitat a la invasión. Sin embargo, poco se ha investigado sobre las interacciones que ocurren entre la especie invasora y aquellas presentes en el hábitat invadido. En este estudio, nos propusimos determinar qué interacciones están ocurriendo entre el invasor *Pinus contorta*, la vegetación nativa de la estepa patagónica y herbívoros exóticos; y los efectos que estos tienen sobre su crecimiento. A través de análisis de patrones espaciales pudimos determinar que la especie se asocia a *Baccharis magellanica* y especies del género *Festuca* durante los primeros estadios de crecimiento. Preliminarmente hemos determinado que existiría una influencia de estas especies en el desarrollo de ciertos atributos morfológicos de la especie. El ramoneo, por otro lado, estaría haciendo más lento el proceso de invasión, ya que las tasas de crecimiento estarían disminuyendo. Conocer los procesos tras la invasión de especies de plantas exóticas permite establecer los métodos más adecuados para su prevención y control.

Patrocinio: Aníbal Pauchard.

Agradecimientos: FONDECYT 1100792, Beca Doctorado CONICYT, ICM P05-002 y PFB-23.

¿EXISTE CONSERVATISMO DE NICHOS CLIMÁTICO EN *ESCHCHOLZIA CALIFORNICA* CHAM? IMPLICANCIAS PARA SU DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA POTENCIAL EN CHILE CENTRAL (Does climatic niche conservatism exist in *Eschscholzia californica* Cham.? Implications for the potential geographic distribution in Central Chile).

Peña-Gómez, F. T., Bustamante, R. O. & Guerrero, P. C.
Facultad de Ciencias, Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile.

Un supuesto comúnmente usado para entender el éxito de las especies invasoras es que ellas conservan sus requerimientos de nicho originales durante la invasión. Usando la dualidad entre el nicho y la distribución geográfica de una especie, se puede poner a prueba este supuesto. Así evaluamos la dinámica de nicho de *Eschscholzia californica* Cham., hierba nativa de California, invasora exitosa en Chile central. La similitud climática entre Chile-central y California, supone que el nicho debiese conservarse en esta

especie, luego la distribución geográfica predicha desde el rango nativo debería ser similar a la distribución predicha desde el rango invadido. Los nichos descritos en Chile y en California fueron diferentes; el nicho en Chile fue anidado en el de California. Las distribuciones proyectadas desde los nichos fueron similares tanto en Chile como en California. Estos resultados sugieren que el conservatismo de nicho no es una condición necesaria ni suficiente para predecir la distribución de una invasora. El anidamiento del nicho chileno, sugiere que una submuestra de California colonizó Chile; estos fundadores se habrían encontrado con que las nuevas condiciones ambientales, eran muy similares a las de sus ambientes nativos.

Financiado por proyecto FONDECYT 1100076 e ICM – P05 – 002.

HIPÓTESIS DE NATURALIZACIÓN DE DARWIN EVALUADA EN LA FLORA NATURALIZADA DE CHILE CONTINENTAL (Darwin's naturalization hypothesis assessed in the naturalized flora of continental Chile).

Escobedo-Echeverría, V. M., Aranda, J., Rojas, J. F., Castro, S. A.
Universidad de Santiago de Chile.
E-mail: victor.escobedo@usach.cl

La Hipótesis de Naturalización de Darwin (HND) plantea que el éxito de naturalización de especies exóticas se ve favorecido cuando el parentesco filogenético entre el colonizador y la comunidad recipiente es distante debido a que se reduce la intensidad de la competencia interespecífica. Por el contrario, especies cercanas filogenéticamente mantendrían una alta intensidad de competencia interespecífica dificultando su posibilidad de naturalización. Si el parentesco filogenético determina el componente distribucional de naturalización (como lo plantea la HND) sería posible esperar que aquellas especies emparentadas debiesen mostrar rangos distribucionales reducidos en comparación a aquellos taxa menos emparentados. En este estudio, se caracterizó el tamaño del rango en plantas vasculares que difieren en el nivel de parentesco filogenético respecto de la flora nativa, controlando el presunto efecto de factores covariados tales como el tiempo mínimo de residencia y el origen biogeográfico. Nuestro análisis mostró que el parentesco filogenético es un factor significativo en la distribución de taxa naturalizadas, pero inverso a lo propuesto por la HND: las taxa de mayor rango fueron aquellas más cercanas filogenéticamente a la flora nativa. En consecuencia, el parentesco filogenético parece facilitar –y no inhibir– la naturalización de plantas vasculares en Chile.

Agradecimientos Fondecyt 11085013; Línea 8 CEDENNA (USACH); CASEB (PUC).

HOMOGENIZACIÓN FLORÍSTICA EN LAS ISLAS OCEÁNICAS DE CHILE (Floristic homogenization ocean islands Chile).

Aranda, J. E., Escobedo-Echeverría, V. M. & Castro, S. A.
Universidad de Santiago de Chile. E-mail: jorge.aranda@usach.cl

El presente estudio analiza el estado actual del proceso de homogenización en las islas oceánicas de Chile pertenecientes a los archipiélagos de Juan Fernández, Desventuradas e Isla de Pascua. Para estos efectos, se comparó la composición y similitud entre la flora original y la flora actual, utilizando la base de datos florística más completa y actualizada.

Los resultados confirman evidencia previa que muestra que las islas transitan hacia la homogenización florística, como consecuencia del aumento del número de especies exóticas introducidas simultáneamente en ellas. Con el objeto de mantener los patrones de biodiversidad y unicidad biológica de estas floras, sugerimos fortalecer los mecanismos que eviten o reduzcan la introducción de especies exóticas.

Agradecimientos: Fondecyt 11085013; Línea 8 CEDENNA (USACH); CASEB (PUC).

IMPACTOS DE LA INVASIÓN DE *TELINÉ MONSPESSULANA* (L.) K. KOCH: EFECTOS SOBRE EL RÉGIMEN DEL FUEGO (Impacts of *Teline monspessulana* (L.) K. Koch invasion: Effects on the fire regime).

García, R. A.^{1, 4}, Pauchard, A.^{1, 4}, Peña, E.¹, Cavieres, L. A.^{2,4}
Bustamante, R.^{3,4}

¹ Facultad de Ciencias Forestales. Universidad de Concepción, Chile.

² Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción, Chile.

³ Facultad de Ciencias. Universidad de Chile, Chile.

⁴ Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Chile.
ragarcia@udec.cl

C. Teline monspessulana es un arbusto invasor ampliamente distribuido en la zona centro-sur de Chile, concentrando sus poblaciones en áreas con constantes perturbaciones. Sectores aledaños a caminos, plantaciones forestales y zonas de matorral son las preferidas por esta especie y más frecuentemente afectadas por incendios forestales. Este arbusto forma densas poblaciones capaces de acumular una gran cantidad de biomasa combustible, cerca de 80 ton ha⁻¹, con características que facilitarían la ignición y propagación de incendios forestales. Además, las semillas de esta especie aumentan significativamente su germinación después de un ser expuestas a temperaturas entre 90 y 110 °C por 10 min. Estas temperaturas pueden llegar a registrarse al interior del banco de semillas durante incendios forestales de baja intensidad. Se puede concluir que los incendios forestales y malas prácticas de quemas para eliminar la competencia en los cultivos estarían favoreciendo la permanencia de esta especie en el sistema. Esta investigación ilustra los profundos impactos de las especies invasoras en los ciclos ecosistémicos.

Patrocinio: Aníbal Pauchard.

Agradecimientos: Financiado por FONDECYT 1070488, ICM P05-002 y PFB-023.

SIMPOSIO

¿QUÉ PUEDE APORTAR LA GENÉTICA AL MANEJO DE LOS TRASTORNOS DEL ÁNIMO?

Coordinadora: Luisa Herrera

PSIQUIATRÍA DE LOS TRASTORNOS DEL ÁNIMO (Psychiatry of mood disorders).

Rojas G., Libuy N.
Clínica Psiquiátrica. Universidad de Chile. Facultad de Medicina, Universidad de Chile. rojas@redclinicauchile.cl

Los trastornos del estado de ánimo son patologías frecuentes en la población general y entre los usuarios a los servicios de salud, principalmente la enfermedad depresiva. En Chile, estudios epidemiológicos han demostrado que aproximadamente un 10% de la población general ha presentado una depresión mayor alguna vez en la vida y un 30% de los consultantes a la atención primaria necesitarían tratamiento por esta patología.

Los factores de riesgo de la patología son conocidos: el sexo femenino y las personas pertenecientes a los niveles socioeconómicos más vulnerables.

Se trata de una enfermedad que produce grados importantes de discapacidad pero que tiene tratamientos efectivos. Para los casos más leves, se recomiendan tratamientos psicoterapéuticos y para los casos más severos tratamientos combinados con farmacoterapia. Factores que incrementan la posibilidad de remisión incluyen raza caucásicos, sexo femenino, tener un empleo, más años de educación, y mayor ingreso; siendo factores asociados a menor remisión, mayor cronicidad, mayor comorbilidad psiquiátrica y médica, y bajos niveles de funcionalidad y calidad de vida iniciales.

Los estudios placebo controlados muestran tasa de respuesta con placebo de 30%.

Tanto en los factores que condicionan la enfermedad como su remisión, factores psicosociales y biológicos juegan un papel importante. Sin embargo, aún no tenemos claridad cómo se interrelacionan entre sí.

ARQUITECTURA MOLECULAR DE LOS TRASTORNOS DEL ÁNIMO (Molecular architecture of mood disorders).

Bustamante M. L.
Medical Genetics Branch, National Human Genome Research Institute, National Institutes of Health. bustamantem@mail.nih.gov

Estudios familiares, de gemelos y de adopción han producido evidencia de que la genética juega un rol relevante en el desarrollo de la depresión. Sin embargo, la localización e identificación de genes específicos ha sido un proceso lento y poco fructífero, en línea con lo que ha ocurrido con otras enfermedades complejas. Existe evidencia de alteraciones anatómicas y funcionales que subyacen a los síntomas de depresión y la respuesta a tratamiento con antidepresivos. El objetivo de la presente revisión es presentar el estado del arte sobre las bases biológicas de la depresión, de manera de proveer comprensión sobre los avances en el conocimiento genético y los desafíos aun existentes. Las hipótesis clásicas que proponían la disfunción monoaminérgica

como la alteración central subyacente a la depresión han sido gradualmente reemplazadas por nuevos modelos. Estos proponen que los síntomas depresivos así como la mejoría asociada al uso de medicamentos serían explicados por cambios en los niveles de neurotrofinas y sus efectos sobre la neurogénesis, mediadora de la plasticidad neuronal, en regiones específicas del cerebro. Este modelo permite explicar la relación establecida hace ya largo tiempo entre estrés y depresión.

APORTES DE LA GENÉTICA AL MANEJO DE LA DEPRESIÓN (Contributions of genetics to the treatment of depression).

Herrera L., Symon A., López P., Heskia C., Lara P., Marín F., Guajardo V., Araya V., Rojas G., y Fiedler J.
Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. e-mail: lherrera@med.uchile.cl

La depresión mayor es uno de los trastornos mentales más prevalentes en el mundo y en Chile. Además, el riesgo de recurrencia es alto, y depende del número de episodios anteriores y de la duración de estos, lo cual parece relacionarse con cambios neurológicos generados durante episodios previos. Por lo tanto, una vez que se diagnostica una depresión esta debe ser tratada rápida y eficazmente.

La depresión se ha relacionado con alteraciones neuroquímicas y neuroendocrinas, entre las últimas figura la hiperactividad del eje de respuesta al estrés Hipotálamo-hipófisis-glándula suprarrenal, y reducida retroalimentación negativa por corticoides. En concordancia, pacientes con depresión normalizan el ritmo de secreción después del tratamiento antidepresivo.

La farmacoterapia es la mejor elección para tratar depresiones moderadas o severas. Sin embargo, los pacientes con depresión no responden de la misma forma a una misma farmacoterapia. Algunos responden dentro de las primeras dos a tres semanas, otros más lentamente y otros no responden. Esta variabilidad se explica en parte por diferencias genéticas interindividuales relacionadas con genes involucrados en la respuesta al estrés, incluyendo a la vía activadora dependiente de CRH y de Arginina vasopresina.

Financiado por Fondecyt 1090219.

SIMPOSIO EVOLUCIÓN EN SISTEMAS AISLADOS

Coordinador: Christian Ibáñez

DIVERSIDAD DE MICROORGANISMOS EN HUMEDALES ALTIPLÁNICOS: PERSPECTIVAS BIOGEOGRÁFICAS Y ADAPTACIONES LOCALES (Microbial diversity in altiplanic wetlands: biogeographical perspectives and local adaptations).

Dorador, C.

Facultad de Recursos del Mar y Centro de Bioinnovación, Universidad de Antofagasta.

El estudio de los microorganismos en humedales altiplánicos es un área de reciente desarrollo que involucra el entendimiento de las relaciones tróficas, adaptativas y evolutivas en ambientes altamente variables y de condiciones ambientales particulares. La diversidad microbiana ha sido estudiada principalmente mediante técnicas independientes de cultivo utilizando como marcadores moleculares genes ribosomales y funcionales relacionados con los ciclos del Nitrógeno y del Carbono, además de análisis metagenómico con técnicas de secuenciación masiva. La diversidad de Bacteria y Archaea es altamente variable a niveles espaciales y temporales y está caracterizada por microorganismos con alta tolerancia a la salinidad, bajas temperaturas y alta radiación solar, lo cual da cuenta de microorganismos multiadaptados que responden a rápidos cambios en distintos parámetros ambientales. Los estudios metagenómicos han permitido describir comunidades microbianas complejas con un alto grado de novedad a nivel funcional y filogenético. La diversidad microbiana en estos ambientes extremos es elevada en comparación con otros ambientes salinos estudiados y existe una alta similitud con comunidades microbianas presentes en la biósfera fría incluyendo las regiones polares.

Agradecimientos: Fondecyt N°11080228, 1110953.

LA HERPETOFAUNA REVELA PATRONES MOLECULARES COMPLEJOS Y CONGRUENTES EN EL ARCHIPIÉLAGO DE CHILOÉ (Herpetofauna reveals complex molecular and consistent pattern in Chiloé Archipelago).

Vidal, M. A.

Laboratorio de Genómica y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío.

La filogeografía comparada describe los patrones de divergencia evolutiva, sean estos congruentes o no, en poblaciones codistribuidas de diferentes taxa. Si las poblaciones de estos taxa han estado codistribuidas por un tiempo prolongado, y si los tiempos de perturbación o vicarianza han sido prolongados y además, han permanecido más o menos estables, es esperable que los patrones de divergencia sean congruentes. *Liolaemus pictus* y *Batrachyla leptopus* son dos especies ampliamente codistribuidas, especialmente en el Archipiélago de Chiloé en Chile. En este trabajo se analiza la estructura filogeográfica (citocromo b) de ambas especies con el fin de estimar sus respuestas a eventos históricos. Los resultados sugieren un patrón evolutivo consistente

con la historia geomorfológica en el Archipiélago. Además, los altos niveles de divergencia entre haplotipos en varias poblaciones sugiere la posibilidad que su origen se remonte a tiempos antes del Pleistoceno Medio. Estos resultados son consistentes con la hipótesis de que ambas especies respondieron a los eventos históricos en paralelo, donde los procesos históricos han sido suficientes para influir en su estructura filogeográfica.

Agradecimientos: CONICYT 79090026 y FONDECYT 3065015.

FUNCIÓN DE LOS FRUGÍVOROS EN EL RECLUTAMIENTO Y LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE UNA ESPECIE ARBÓREA EN UN PAISAJE AISLADO Y FRAGMENTADO DESDE EL PLEISTOCENO (Frugivores function on recruitment and genetic diversity of a tree species surviving in isolated and fragmented landscape from Pleistocene).

Núñez-Ávila¹, M., M. Uriarte², P. Marquet¹, J. J. Armesto¹

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad y CASEB-Pontificia Universidad Católica de Chile.

² Columbia University, New York.

En los cerros costeros de la zona semiárida de Chile (30°S), existen fragmentos de bosques dominados por el árbol dioico, endémico y monotípico *Aextoxicon punctatum*, cuyas drupas carnosas son consumidas por aves frugívoras. Evaluamos la limitación en la producción, la dispersión de semillas y establecimiento de *Aextoxicon* en seis fragmentos de diferentes tamaños del Parque Nacional Fray Jorge (PNFJ), mapeando individuos de *Aextoxicon* y cuantificamos la producción de frutos. Para estimar la dispersión y el flujo génico mediado por aves genotipamos 155 hembras e identificamos la procedencia de 232 semillas usando nueve microsatélites. Se proyectó la densidad de semillas mediante una simulación espacial.

Los frugívoros aportan al flujo génico en un paisaje fragmentado, pero existe una fuerte limitación tanto en la producción, dispersión de semillas y el establecimiento. De continuar esta tendencia se detendría el ingreso de nuevos reclutas de *Aextoxicon* a fragmentos de menores tamaños.

Sería bueno incorporar más resultados y discusión.

SIMPOSIO

EFECTOS DE LA HETEROGENEIDAD DEL PAISAJE AGRÍCOLA SOBRE LA CONSERVACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD Y DE SERVICIOS ECOLÓGICOS

Coordinadores: Audrey Grez - Tania Zaviezo

INTRODUCCIÓN: EFECTOS DE LA HETEROGENEIDAD DEL PAISAJE AGRÍCOLA SOBRE LA CONSERVACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD Y DE SERVICIOS ECOLÓGICOS (Introduction: Effects of the heterogeneity of agricultural landscapes on the conservation of biodiversity and ecological services).

Grez A.¹, Zaviezo T.² & Lavandero B.³

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

² Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, P. Universidad Católica de Chile.

³ Instituto de Biología y Biotecnología, Universidad de Talca.

La conservación de la biodiversidad y de los servicios ecológicos requiere una perspectiva de paisaje, incluyendo tanto áreas silvestres como productivas. En sistemas agrícolas, uno de los servicios ecológicos importantes es el control biológico de plagas, ejercido por enemigos naturales que colonizan los cultivos usualmente desde los hábitats de borde. La tendencia mundial a la simplificación de los paisajes agrícolas puede decrecer la diversidad y abundancia de enemigos naturales y con ello también disminuir la eficiencia del control biológico de plagas al interior de los cultivos. Por otro lado, la simplificación de los paisajes agrícolas puede traducirse en una pérdida de biodiversidad de especies nativas. Todos estos fenómenos están mediados por la capacidad de dispersión de las especies en el paisaje a través de los bordes y de los recursos complementarios que estos puedan ofrecer. En este simposio se revisará el marco teórico y empírico que apoya estas ideas en la búsqueda de estrategias de manejo que permitan la coexistencia de un manejo de plagas eficiente en conjunto con la conservación de la biodiversidad.

FONDECYT 1100159, 1110341, Programa Domeyko en Biodiversidad, Iniciativa Transversal III.

FUNCIÓN ECOSISTÉMICA Y BIODIVERSIDAD, EL ROL DE LOS RECURSOS Y LA HETEROGENEIDAD AMBIENTAL (Biodiversity and ecosystem functioning, the role of resources and environmental heterogeneity).

Tylianakis, J.

School of Biological Sciences, University of Canterbury, New Zealand.

Land-use change is the primary driver of biodiversity loss. Economic arguments for conservation, based on the provision of ecosystem services, suggest that biodiversity can provide direct benefits to farmers through increased yield and/or reduced pest damage. Yet, the global intensification of agriculture has resulted in dramatically increased yields, despite equally dramatic losses of biodiversity. This suggests that any positive effects of biodiversity on ecosystem functioning may be overwhelmed by the effects of the environmental drivers that drive biodiversity loss in the first place.

Importantly, heterogeneity can both drive biodiversity (through high niche availability) and moderate the effects of biodiversity on ecosystem functioning. Previous experimental studies have generally failed to take this into account. Indeed, the random assemblages of species primarily used in those studies bear little resemblance to communities generated by the non-random changes in biodiversity following environmental perturbation. Therefore, the most critical aspects of the diversity-function relationship in terms of ecosystem services are: i) what aspects of biodiversity are most important for promoting functions that are of direct benefit to farmers? ii) Which species traits are selected for by environmental changes and how do they relate to functioning? iii) Under what conditions is biodiversity most important for functioning? iv) What are the relative strengths of the direct and indirect pathways involving land-use change, biodiversity and ecosystem functioning? Atracción de Capital Humano Avanzado-MEC, Marsden Fund and Rutherford Discovery Fellowship, New Zealand.

HETEROGENEIDAD DEL PAISAJE AGRÍCOLA Y LA CONSERVACIÓN DE COCCINÉLIDOS NATIVOS (Heterogeneity of agricultural landscapes and the conservation of native coccinellids).

Grez A. A.¹, Zaviezo T.², Rodríguez-San Pedro A.¹, Castillo F.¹, Hernández J.³ & Acuña P.³

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

² Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, P. Universidad Católica de Chile.

³ Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Chile.

La tendencia mundial hacia la simplificación de los paisajes agrícolas debido al establecimiento de cultivos anuales extensivos y la eliminación de los hábitats perennes pueden alterar la estructura del ensamble de enemigos naturales, favoreciendo especies exóticas sobre las nativas. Evaluamos cómo la heterogeneidad del paisaje que rodea alfalfa se asocia con la diversidad de coccinélidos y con la abundancia relativa de especies nativas y exóticas en alfalfa. También analizamos cómo estas especies usan los hábitats que rodean a los alfalfa, incluyendo superficies naturales y cultivadas. Esperamos que alfalfa en paisajes más heterogéneos, con menos cultivos anuales, tuvieran un ensamble más diverso de coccinélidos, con mayor abundancia de especies nativas. La diversidad del paisaje no se relacionó con la diversidad del ensamble de coccinélidos ni con la proporción de especies nativas. La diversidad de coccinélidos y la abundancia de especies nativas fue menor en paisajes con mayor proporción de cultivos anuales en tanto las especies exóticas fueron más dominantes en paisajes con mayor proporción de cultivos anuales. Para la conservación de especies nativas debieran favorecerse hábitats perennes en el paisaje agrícola.

FONDECYT 1100159, Programa Domeyko en Biodiversidad, Iniciativa Transversal III.

EFFECTOS DE LOS HÁBITAT DE PASTIZALES NATURALES EN LA DINÁMICA DE REDES TRÓFICAS EN CEREALES (Effects of natural grassland habitats on food web dynamics of stem-mining herbivores in cereals).

Rand, T. A.

USDA, ARS, NPARL, Sidney, MT, USA.

Natural and semi-natural habitats often contain wild plant species that serve as reservoirs for herbivores that also attack crops. However, natural habitats can also provide important alternative hosts or resources for natural enemies such as parasitoids. The extent to which such habitats benefit herbivores vs. parasitoids in adjacent cropping systems is rarely investigated. Furthermore, this balance may shift depending on the habitat type or plant composition of surrounding natural systems. A large-scale sampling and rearing study was done to examine these dynamics in a guild of stem-mining grass herbivores and their associated parasitoids across grassland-cereal edges in the central USA. Contrary to expectation, initial food web analyses indicated weak linkages across the grassland-cereal interface for both herbivores and parasitoids. Although most insects were sampled from both systems, the complexes dominating each were distinct. The results suggest that during the course of the growing season, natural grassland systems are unlikely sources of either pests or beneficials. Similarly, larger-scale analyses suggested that parasitism of a dominant cereal pest, *Cephus cinctus*, was not strongly related to grassland cover within surrounding landscapes. The lack of evidence for strong effects of surrounding habitats on food web dynamics, suggests that meta-community theory may be a more appropriate framework for understanding pest dynamics within these cereal agro-ecosystems.

FONDECYT 1100159, Programa Domeyko en Biodiversidad, Iniciativa Transversal III.

IDENTIFICANDO REFUGIOS DE ENEMIGOS NATURALES Y BARRERAS AL MOVIMIENTO PARA INSECTOS PLAGA A NIVEL LOCAL Y DEL PAISAJE: EVIDENCIA DE GENÉTICA DE POBLACIONES, DE COMPORTAMIENTO Y ESTUDIOS DE MARCAJE (Identifying refuges for natural enemies and barriers for insect pest at the landscape and orchard level: populations genetics, behavioral and mark-recapture evidence).

Lavandero, B., Ortiz, S., Villegas, C., Fuentes-Contreras, E., Ramírez, C., Grez, A. & Basoalto, E.

Instituto de Biología y Biotecnología, Universidad de Talca.

Landscape heterogeneity has been proposed as to have a positive effect on natural enemy populations and parasitism rates in general. At the same time dispersal of pest can be reduced by knowledge of geographical and host related barriers. Evidence is required that natural enemies are able to move between the refuge and the crop without the refuge being an important source of the herbivore pests. Genetic markers, particularly highly polymorphic such as microsatellites, have been widely used to study several aspects of insect ecology. These DNA markers provide the raw data to estimate genetic diversity and gene flow between insect populations or to predict migration and colonization history. Using appropriate bioinformatic tools to analyze DNA marker data, gene flow and genetic variations within insect species can be quantified, which is critical to explain population structure and dynamics. Several examples of the use of these molecular techniques in combination with behavioral and mark recapture studies and the consequences of the results are highlighted and discussed.

IFS y Proyectos FONDECYT 1110341, 11080013, 7070072 y 1070412.

SIMPOSIO EDUCACIÓN SUPERIOR, CIENCIA, TECNOLOGÍA Y DESARROLLO EN CHILE

Coordinador: Bernabé Santelices

ALGUNOS PROBLEMAS CRÍTICOS EN EL DESARROLLO CIENTÍFICO-TECNOLÓGICO NACIONAL.

Santelices, B. Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias
Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

EDUCACIÓN SUPERIOR Y CIENCIA.

Ugarte J.J., Director de Educación Superior, Ministerio de
Educación.

POLÍTICAS PÚBLICAS Y LINEAMIENTOS PARA EL DESARROLLO DE LA CIENCIA Y LA TECNOLOGÍA. UNA MIRADA DESDE CONICYT.

Boissier, M. E. Directora de Programas FONDECYT y FONDAP,
CONICYT.

TRANSFERENCIA TECNOLÓGICA, OPORTUNIDAD Y DESARROLLO.

Travieso, O. Ejecutivo Técnico. Subdirección de Transferencia
Tecnológica. INNOVA CHILE. CORFO.

SIMPOSIO ESPECIES CRÍPTICAS

Coordinador: Bernabé Santelices

ESPECIES CRÍPTICAS: REVELANDO SU IDENTIDAD UTILIZANDO EVIDENCIA MOLECULAR Y MORFOLÓGICA (Cryptic species: Revealing their identity using molecular and morphological evidence).

Méndez, M. A., Morales, P., Correa, C. y Collado, G. A.
Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

El concepto de especie ha sido ampliamente debatido entre biólogos y filósofos. Su importancia no se restringe al ámbito sistemático, sino que también incluye aspectos de productividad, salud pública y conservación de la biodiversidad. Las especies crípticas son dos o más especies que fueron clasificadas como una sola debido a su similitud en morfología externa y que están aisladas desde el punto de vista reproductivo. En este tipo de especies las similitudes pueden deberse a convergencia, paralelismo o retención de similaridad ancestral. Recientes avances en sistemática molecular han revelado que las especies crípticas se encuentran ampliamente representadas entre taxa y en distintos hábitats. Las especies individuales, las crípticas y los complejos de especies pueden ser identificados analizando datos de diferentes fuentes, tales como anatomía externa e interna, comportamiento, rasgos de historia de vida o secuencias de DNA. En esta presentación se examinan distintos conceptos de especie y se revisan las aproximaciones metodológicas utilizadas en la identificación y delimitación de especies en invertebrados, vertebrados y plantas que han especiado o están en proceso de especiación, y se discuten en función de tipo de especiación observado: parapátrica, simpátrica o alopátrica.

Financiamiento: FONDECYT 1110118, 1110243, 3110072; 3110040, Domeyko Iniciativa Transversal I, FONDAP-Ecología 1501 0001, Programa 11.

ESPECIES CRÍPTICAS EN MACROALGAS: REVISIÓN DE ANTECEDENTES Y EJEMPLO DE UN ESTUDIO MULTIDISCIPLINARIO, LESSONIA NIGRESCENS (Cryptic species in macroalgae: literature review and example of a multidisciplinary study, *Lessonia nigrescens*).

Tellier, F.
Universidad Católica del Norte-CEAZA.

Las especies crípticas han sido identificadas como una sola especie nominal porque son morfológicamente poco diferenciadas, sin embargo de acuerdo a otros conceptos de especie, ellas constituyen especies distintas. Se presentará una revisión de la literatura de especies crípticas en macroalgas, destacando los conceptos de especies y las herramientas comúnmente ocupados para su identificación. Los casos "intermedios", donde el proceso de especiación es incompleto (complejos de especies), serán considerados. Se detallará el caso de una aproximación multidisciplinaria en el alga parda *Lessonia nigrescens* que permitió identificar dos especies crípticas entre Chiloé y el sur de Perú: una está presente entre Perú y Coquimbo (16-30°S), la otra entre Coquimbo y Chiloé (29-41°S). Ambas especies están sometidas a procesos evolutivos independientes desde más de 200.000 años. La ausencia de híbridos indica un aislamiento reproductivo completo en condiciones naturales. Experimentos en terreno y laboratorio muestran nichos ecológicos contrastantes, lo que permite explicar la distribución de las dos especies a gran escala. La región de contacto (29-30°S) aparece como un mosaico de sitios compuestos exclusivamente de individuos de una u otra especie, pero aún no se puede explicar la ausencia de mezcla. El conjunto de antecedentes permite concluir la presencia de dos especies crípticas en *L. nigrescens*, de acuerdo a los conceptos de especie biológica, filogenética y ecológica.

IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES CRÍPTICAS EN EL COMPLEJO *LESSONIA NIGRESCENS* (PHAEOPHYCEAE, LAMINARIALES) (Identification of cryptic species in the *Lessonia nigrescens* complex (Phaeophyceae, Laminariales).

González, A. V.^{1,3}, Beltrán, J.¹, Hiriart-Bertrand, L.¹, Flores, V.², De Reviers, B.¹, Correa, J. A.¹ & Santelices, B.¹

¹ CASEB y Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, PUC.

² Museum National d'Histoire Naturelle, France.

³ Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

El alga parda *Lessonia nigrescens* es la especie más importante ecológica y económicamente del Pacífico sudamericano. Estudios genéticos, sugirieron la existencia de dos linajes en la especie, extendiéndose uno entre 17°S - 30°S (linaje norte) y el segundo entre los 29°S - 41°S (linaje sur). Con el objetivo de identificarlos y nombrarlos se realizaron estudios morfológicos, taxonómicos y nomenclaturales. Los resultados indican que 4 características externas y 3 internas permiten la diferenciación entre linajes. Sin embargo, las estructuras internas de ambos linajes difieren de aquellas del Isolectotipo de *Lessonia nigrescens*, especie que tampoco fue encontrada en la localidad tipo (Cabo de Hornos). Por tanto, se concluye que el nombre *L. nigrescens* no debiera ser utilizado para el material chileno. El nombre *Chordaria spicata* Suhr es el primero para el linaje sur, mientras que *Lessonia berteroa* Montagne es el más antiguo para el linaje del norte. Por lo que se propone una nueva combinación: *Lessonia spicata* (Suhr) Santelices para el linaje sur y *Lessonia berteroa* para el linaje norte. Estos cambios tienen varias consecuencias en la sinonimia de las especies *Laminaria scissa*, *L. suhrri* y *Chordaria spicata*.

Financiamiento: FONDAP 15010001-1 P.7

CONSECUENCIAS SOBRE LA PESQUERÍA DE ALGAS PARDAS DE LA IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES CRÍPTICAS EN EL COMPLEJO DE *LESSONIA NIGRESCENS* (Consequences on the brown seaweed fisheries of the identification of cryptic species in the *Lessonia nigrescens* complex).

Vásquez, J. A.^{1,2}, Vega, J. M. A.¹ & Chandía, N. P.¹

¹ Departamento de Biología Marina. Facultad de Ciencias del Mar. Universidad Católica del Norte.

² Center for Advanced Studies in Arid Zones (CEAZA) Casilla 117, Coquimbo, Chile. jvasquez@ucn.cl

Chile provee el 10% de la biomasa de algas pardas a nivel mundial, con desembarques de casi 3.000.000 Ton húmedas año⁻¹. Entre las especies de importancia comercial *Lessonia nigrescens* representa más del 75% de los desembarques. Desde 2004, las algas pardas en áreas de libre acceso, permanecen en veda. Una pesca de investigación permite el acceso a la pesquería, obligando al usuario a la entrega de información del origen, especie y volumen cosechado/recolectado. No obstante la distribución de las algas pardas en el Pacífico sureste, la pesquería está centrada entre los 18°-33° S.

Estudios genético-moleculares en *L. nigrescens*, sugieren la existencia de especies crípticas, con una separación evidente en los 30° S. Considerando lo anterior, esta presentación revisa aspectos de dinámica poblacional asociados a eventos locales y de gran escala, importantes para la administración y manejo pesquero. El origen de la biomasa y las características químicas de las plantas y como consecuencia, su identidad específica, son especialmente relevantes en el cultivo, traslado, y repoblamiento de este recurso. Lo anterior, sumado a su manejo con base biológica, es clave para la sustentabilidad de la pesquería de *Lessonia* en el norte de Chile.

SIMPOSIO ESTRATEGIAS GENÓMICAS EN ENFERMEDADES HUMANAS

Coordinadora: Gabriela Repetto

SEARCHING FOR NOVEL GENES IN NEURODEGENERATIVE DISEASES

Ramírez, A.

Department of Psychiatry, University of Bonn, Bonn, Germany.

Understanding the role of genetic factors in disease development has increased dramatically over recent years. In this regard, two different approaches have been mainly used to search for these factors, i.e. linkage analysis and association studies. The first approach is employed in the search for causative genes in monogenic disorders. In an association study, the aim is to analyze the combined occurrence of a trait and a genetic factor in a population. Both approaches have been extensively used to identify mutations and risk variants in neurodegenerative diseases. Although monogenic forms of these traits are rare, the study of such diseases has provided important insights into the molecular mechanisms of disease development and has led to important breakthroughs. Interestingly, a major recent advance in this field has come from progress in sequencing technology (so-called "next-generation sequencing"), which allows, in a very short time, to sequence large genomic regions or even the entire human genome. In parallel, progress in genotyping techniques has opened the possibility to search for association in the entire human genome. Thus, recent genome wide association studies (GWAS) using large case-controls samples have identified common susceptibility variants for neurodegenerative disorders. However, a substantial fraction of the heritability remains unexplained by these variants. Currently, a central topic of research is the possible interplay between common and rare variants. For this, researchers are combining approaches to delineate the complex architecture of neurodegenerative disorders.

MAPEO POR HOMOCIGOSIDAD EN HIPERTRIGLICERIDEMIA SEVERA (Homozygosity mapping in severe hypertriglyceridemia).

Santos, J. L.

Departamento de Nutrición, Diabetes y Metabolismo. Facultad de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile.

La Hipertrigliceridemia (HTG) es una dislipidemia caracterizada por triglicéridos (TG) plasmáticos en ayunas mayores a 150 mg/dl. Cuando los TG son mayores a 500 mg/dL (HTG severa) o >2000 mg/dL (HTG muy severa), se sospecha de la existencia de un defecto genético subyacente. Genes reconocidos como responsables de HTG monogénicas son LPL, APOC2, APOA5, LMF1 y GPIHBP1. Estudios de asociación de genoma completo han identificado variaciones comunes en GCKR, TRIB1, MLXIPL, GALNT2, APOB, APOC2, APOA5, APOE, LPL, ANGPTL3 y NCAN que contribuyen a HTG multifactorial. Presentamos los resultados de un estudio de mapeo por homocigosidad en la identificación de la causa genética de HTG muy severa en una familia chilena consanguínea mediante barrido de genoma completo. Se encontró un segmento del cromosoma 11 con más de 2500 SNPs consecutivos en homocigosidad en hermanos afectados, con

heterocigosidad sustancial en hermanos no afectados, situado en el agrupamiento APOA5/A4/C3/A1. El análisis del gen APOA5 reveló que los pacientes con HTG muy severa presentaban una mutación en homocigosidad para un codón de término prematuro (Q97X), mientras que pacientes con HTG severa eran heterocigotos para la mutación. Se discutirán estos resultados en relación al sistema de vigilancia celular del ARN mensajero para detectar mutaciones de codón de término prematuro, la influencia de otras variables genéticas de APOA5 identificadas en estudios de asociación de genoma completo, y las posibilidades de tratamiento de hipertrigliceridemias genéticas.

MODIFICADORES DEL FENOTIPO DEL SÍNDROME DE MICRODELECIÓN DEL CROMOSOMA 22Q11: UN ABORDAJE GENÓMICO (Modifiers of the 22q11 microdeletion syndrome: a genomic approach).

Repetto, G.

Centro de Genética Humana, Facultad de Medicina, Clínica Alemana-Universidad de Desarrollo.

El síndrome de microdelección del cromosoma 22, región q11.2 (del22q11) es una de las alteraciones genómicas más comunes en humanos, con frecuencia de 1/4000 a 1/2500 recién nacidos. Presenta expresividad variable, pese a que la mayoría de los pacientes comparte una delección de tamaño (3Mb) y ubicación común. Por ejemplo, la mitad de los pacientes tiene cardiopatía congénita, alrededor de 70% tiene alteraciones del paladar y un 10-15% de los adolescentes y adultos desarrollan esquizofrenia. El origen de la variabilidad fenotípica es desconocida. La haploinsuficiencia del gen TBX1 ha sido identificada como causa de las cardiopatías y fisuras en la del 22q11. Los estudios de genes candidatos, basados en modelos animales, no han logrado identificar modificadores en humanos. Realizamos un estudio de asociación en el genoma completo en 150 pacientes chilenos con del 22q11 para expandir esta búsqueda de genes modificadores, usando la plataforma Affymetrix® v. 6.0 SNP array. Encontramos polimorfismos en los cromosomas 6 y 8 asociados a la presencia o ausencia de cardiopatía congénita en general, y de cardiopatías del tracto de salida específicamente. Estos resultados sugieren que variantes en genes fuera de la región de la delección común pueden modificar los efectos de la delección sobre el desarrollo cardiovascular, e ilustran la potencia de las herramientas genómicas.

Financiamiento: Fondecyt 1061051 y 1100131.

SIMPOSIO LEY BIODIVERSIDAD Y ÁREAS PROTEGIDAS

Coordinador: Javier Simonetti

CONSERVACIÓN DE BIODIVERSIDAD: ALGO MÁS QUE ÁREAS PROTEGIDAS (Biodiversity conservation: beyond protected areas).

Simonetti, J. A.

Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

El Servicio de Biodiversidad y Áreas Protegidas propuesto para gestionar la biodiversidad de Chile requiere estar basado en conceptos sólidos y actualizados de manera de disponer de un claro referente respecto sus metas y objetivos. Sin embargo, debilidades respecto conceptos empleados como biodiversidad y conservación, focos del Servicio en sí, reducen su ámbito territorial de acción y la potencial efectividad de su acción. En los hechos, el Servicio no considera la necesidad y oportunidad de realizar conservación fuera de las áreas protegidas, ignorando los servicios ecosistémicos, sin integrar la biodiversidad a los sistemas bajo producción agrícola y forestal. Creciente información empírica ofrece apoyo a los modos respecto los cuales numerosos taxones podrían ser conservados en sistemas agroforestales, como complemento a las poblaciones protegidas en parques o reservas. Asimismo, el Servicio autorrestringe en su capacidad de colaborar con entidades sectoriales en la gestión de los recursos naturales, que tienen directa relación con la biodiversidad nacional, pese a que ello permitiría satisfacer los Metas de Aichi 2020, a las cuales Chile concurre. El proyecto de ley que crea el Servicio de Biodiversidad y Áreas Protegidas debe ser fortalecido conceptualmente de forma de alinearse con los objetivos perseguidos al conservar biodiversidad, integrándola al desarrollo nacional.

FONDECYT 1095046, Programa Domeyko-Biodiversidad, Universidad de Chile.

NUEVA INSTITUCIONALIDAD PARA LA GESTIÓN DE LA BIODIVERSIDAD EN CHILE: EL SERVICIO DE BIODIVERSIDAD Y ÁREAS PROTEGIDAS.

Sierralta Jara L.

División de Recursos Naturales Renovables y Biodiversidad, Ministerio del Medio Ambiente – CHILE.

El proyecto de Ley que crea el Servicio de Biodiversidad y Áreas Protegidas (SBAP), ingresó al Senado el 26 de enero de 2011 cumpliendo así con el compromiso legal y político de crear dicho servicio. El propósito principal de este nuevo servicio será operacionalizar el mandato constitucional de proteger la diversidad biológica, preservar la naturaleza y conservar el patrimonio ambiental. Para cumplir dicha tarea, el SBAP administrará el Sistema Nacional de Áreas Protegidas y las unidades de áreas protegidas del Estado; fomentará e incentivará la creación de áreas silvestres protegidas de propiedad privada; diseñará planes de recuperación, conservación y gestión de especies amenazadas; establecerá e informará al Ministerio de Agricultura sobre las especies de fauna silvestre cuya caza y captura deba prohibirse; informará sobre el riesgo de la internación de especies exóticas; propondrá al Ministerio del Medio Ambiente las medidas o planes de prevención, control, contención y erradicación de especies exóticas invasoras presentes en el país; emitirá pronunciamiento sobre las materias de su competencia en el marco del Sistema de Evaluación de Impacto Ambiental; tendrá labores de fiscalización de los planes de recuperación, conservación o gestión de especies amenazadas y de los planes y medidas de prevención, control, contención y erradicación de especies exóticas; administrará y mantendrá un inventario de la biodiversidad del país y administrará el Fondo Nacional de la Biodiversidad y las Áreas Silvestres Protegidas; entre otras funciones que le asigna el proyecto de Ley. No obstante, las regulaciones, criterios y políticas para el manejo sustentable de los recursos naturales renovables le corresponderán al Consejo de Ministros para la Sustentabilidad.

El SBAP se creará como un servicio público funcionalmente descentralizado, con personalidad jurídica y patrimonio propio, y sometido a la supervigilancia del Presidente de la República a través del Ministerio del Medio Ambiente, afecto al Sistema de Alta Dirección Pública establecido en la ley N° 19.882. Este Servicio completará el rediseño de la institucionalidad ambiental iniciado en el año 2010 con la creación del Servicio de Evaluación Ambiental, la Superintendencia Ambiental y los tribunales ambientales (ver figura adjunta).

El objetivo del Sistema Nacional de Áreas Protegidas será asegurar la representatividad ecosistémica del país, de acuerdo a la Estrategia Nacional de Biodiversidad y en conformidad con los compromisos del Convenio sobre Diversidad Biológica de las Naciones Unidas.

La protección de los recursos naturales renovables del ámbito silvoagropecuario será competencia del Ministerio de Agricultura, por lo que el manejo de las especies agrícolas cultivadas y la ganadería no son parte del ámbito de competencia del SBAP.

Las poblaciones naturales de especies nativas que tienen un uso económico no son tampoco parte del ámbito de competencia del Servicio. En todo caso, el Ministerio de Medio Ambiente generará criterios de uso sustentable de aquellas especies nativas sin uso económico actual. En cuanto a las especies no nativas (exóticas asilvestradas), no serán parte del ámbito del servicio, salvo que adquieran una condición de plaga.

HACIA LA CREACIÓN DE UN SISTEMA INTEGRADO DE ÁREAS PROTEGIDAS EN CHILE (Towards the creation of an integrated system of protected areas in Chile).

Squeo, F. A.^{1,2,3}, Stoll, A.^{1,2,3}, Gaymer, C.^{2,4}

¹ Universidad de La Serena.

² Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA).

³ Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), ⁴Universidad Católica del Norte.

En el contexto de la CBD, Chile se comprometió a extender su Sistema Nacional de Áreas Protegidas, incrementando su protección de la biodiversidad menos representada. Se realizó un análisis GAP de todos los ambientes marinos y terrestres de Chile bajo dos escenarios: 1) áreas protegidas (AP) públicas, y 2) AP públicas y privadas. En ambos escenarios Chile no alcanza la meta de conservar el 10% de sus ecorregiones. Mientras que en los ambientes terrestres se han logrado 2/3 de las metas, en el año 2009 los marinos alcanzaban solo el 0,27%. Esta última cifra subió a 21,4% con la incorporación del PM Motu Motiro Hiva (Salas y Gómez). Un análisis con MARXAN muestra que se requieren incrementar las AP terrestres desde 21,6% a 37,5%; mientras que las marinas deben llegar a 11,8%. Las actuales AP representan entre un 55% (escenario 1) y 57% (escenario 2) de la solución terrestre. En la región mediterránea (IV a IX) no hay disponibles suficientes tierras públicas con fines de conservación. El SBAP debe dar cuenta de la necesidad de estimular la creación de nuevas AP privadas y orientarlas a cumplir con las metas de conservación nacionales.

ICM (P05-002) y CONICYT (PFB-23).

LIMITACIONES A LA CONSERVACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD.

Rosas M., Novoa P., León P.

Instituto de Investigaciones Agropecuarias: Banco de Semillas INIA.

Desde la perspectiva como botánicos orgánicos trabajando desde hace años en conservación aplicada recolectando semillas de plantas endémicas y nativas amenazadas o de distribución restringida nos hemos enfrentado la biodiversidad a la escala de organismos, de las especies y a la conservación cara a cara frente a las especies amenazadas (tenemos el 21% de la flora vascular depositada en el Banco de semillas). Valoramos la presentación de un proyecto de ley que se preocupe de la Biodiversidad de Chile, sin embargo consideramos algunos errores u omisiones. Nos parecen correctos y adherimos a los comentarios de la SOCECOL y no los repetiremos, pero nos parecen especialmente preocupantes los siguientes puntos: En el artículo 2 Definiciones, no incorpora "especie endémica" aquellas que solo se crían en Chile y protegerlas es nuestra responsabilidad única y exclusiva como nación. Tampoco incorpora "recursos genéticos" y como herramientas de conservación a "Banco de Semillas" y "Jardines Botánicos" Artículo 27, nos parece especialmente preocupante la administración de ASP que protegen la biodiversidad a concesiones de terceros cuyos intereses son privados y frecuentemente regulados por el mercado. La nación no puede renunciar a su soberanía en cuanto al cuidado de su biodiversidad. Artículo 54 Inventario de la biodiversidad. Un catálogo de especies es más que un inventario, es una base de datos con múltiples listas relacionadas. Debe estar permanentemente actualizado con todas las publicaciones que mencionen una especie presente en Chile. Debe incluir las especies válidas, los sinónimos, la publicación en que fue descrita, su distribución en el país, algunos o todos los ejemplares de herbario o museo, eventualmente su descripción e imágenes. Esta es una enorme tarea en que alguna vez nuestro país fue líder en Sudamérica (Gay) y que actualmente está entre los últimos. Artículo 56 Planes de recuperación, conservación o gestión de especies g) medidas de recuperación. Señala "se expresarán en limitaciones específicas a que estarían sometidas..." y no plantea acciones positivas sobre la especie, como conservación ex situ, conservación de germoplasma, estudios de germinación y de propagación, estudios de reintroducción en hábitat, por ejemplo el Proyecto de ley no considera la propiedad de la biodiversidad expresada como los recursos genéticos de Chile, ni menciona el acceso a ellos y sus limitaciones y protección, de modo que deja en total indefensión estos recursos que se pueden tomar, cosechar, exportar, usar y patentar por cualquier persona chilena o extranjera sin ninguna restricción. Tampoco menciona como herramientas de conservación de la biodiversidad la conservación ex situ, como en los Bancos de semillas y en los Jardines Botánicos Nacional, Regionales o temáticos

CONSERVACIÓN MARINA EN CHILE: LIMITACIONES Y OPORTUNIDADES DEL PROYECTO DE LEY (Marine conservation in Chile: constraints and opportunities).

Fernández, M. y González, C.
ECIM y CASEB, Pontificia Universidad Católica de Chile.

La implementación de áreas marinas protegidas (AMP) está aún lejos de alcanzar las metas que ha comprometido el Estado de Chile y requiere de una definición más acotada de los ecosistemas representativos y de la integración de las unidades de conservación en redes. El Proyecto de Ley ofrece oportunidades pero también plantea limitaciones. Las mayores oportunidades están relacionadas con (1) la creación de una institucionalidad que permite la administración y fiscalización de AMPs, (2) el potencial de aumentar la superficie marina protegida a través de la integración de porciones de mar y terrenos de playa asociadas a áreas protegidas terrestres existentes (Artículo 51°) y, consecuentemente, (3) la posibilidad de efectivizar objetos de conservación marinos de actuales áreas protegidas terrestres, como los parques nacionales Alberto Agostini, Pan de Azúcar y Archipiélago Juan Fernández; aunque bajo ese mismo artículo podrían sumarse nuevas AMPs que no necesariamente tengan valor de conservación. Entre las principales limitaciones se pueden identificar (1) ausencia de un enfoque de redes, necesario para asegurar la conectividad del sistema, (2) condicionamiento de nuevas AMP a sitios prioritarios, (3) falta de restricciones al cultivo de especies exóticas en zonas protegidas o colindantes y (4) carencia de acciones integrales para el manejo y la conservación de ambientes con alta difusión como los marinos.

Financiamiento: Pew Fellowship (MF) y Beca CONICYT (CG) y Centro de Conservación Marina.

Taller



BR

TALLER DE BIOÉTICA: EVALUACIÓN DE ASPECTOS BIOÉTICOS DE LOS PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN BIOLÓGICA EN FONDECYT
(Workshop in Bioethics: Evaluation of the bioethical aspects of biological research projects).

Boisier, M. E.^{1,5}, Arias, J. L.², Valenzuela, C.³, y Santos, M. J.^{4,5}

¹ Programa FONDECYT/CONICYT.

² Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile.

⁴ Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

³ Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

⁴ Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

⁵ Comité Asesor de Bioética FONDECYT/CONICYT.

La aprobación de proyectos de investigación científica en el área biológica financiados por FONDECYT/CONICYT, que involucra a seres vivos, la evaluación de los aspectos bioéticos es decisiva. Cada vez existe mayor conciencia, de la necesidad de considerar los aspectos bioéticos de la investigación científica, tanto por parte de los investigadores, como por la sociedad en general. En este taller abordaremos las directrices de FONDECYT para abordar los aspectos bioéticos de los proyectos de investigación y se presentará la experiencia acumulada por el Comité Asesor de Bioética FONDECYT/CONICYT y la de los Comités de Bioética de las Facultades de Medicina y Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile.

Los proyectos revisados por estos comités son aprobados luego de un diálogo con los investigadores, en cuyos proyectos se habían detectado deficiencias mejorables, tales como: omisiones respecto de normas establecidas en códigos de ética reconocidos, tales como manejo bioético de animales de experimentación, manejo de datos genéticos y muestras biológicas.

Incorporaciones

BR



I ECOLOGÍA

EVENTOS PLUVIALES DURANTE EL CUATERNARIO TARDÍO EN EL DESIERTO DE ATACAMA Y SUS CONSECUENCIAS FITOGEográfICAS (Phytogeographic consequences of Late Quaternary pluvial events in the Atacama Desert).

Díaz, F. P.^{1,2} & Latorre, C.^{1,2}

¹ CASEB/Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB)

El núcleo hiperárido (desierto absoluto) del Atacama constituye una barrera infranqueable a la dispersión e intercambio de especies entre las lomas costeras y la vegetación andina. Sin embargo, registros paleoecológicos y paleoclimáticos han demostrado la existencia de múltiples eventos pluviales durante el Cuaternario tardío. Los más importantes ocurrieron durante la última transición glacial-interglacial (UTGI) y la Anomalía Climática Medieval (ACM).

En este trabajo, revisamos las evidencias a partir de paleomadrigueras de roedores del Atacama sur (25°S). Estas documentan el movimiento de especies andinas en >500 m hacia el actual desierto absoluto durante la UTGI y la ACM. Incluso, microfósiles vegetales demuestran la presencia de especies andinas en el margen inferior del desierto absoluto (~1200 msnm) durante estos eventos.

Postulamos que la dispersión e intercambio de especies en el Atacama fue facilitada a través de la contracción del límite superior del desierto absoluto, el aumento en la frecuencia de inundaciones y el incremento de los niveles freáticos durante eventos pluviales. La persistencia del núcleo hiperárido durante el Cuaternario implicaría que la colonización de especies andinas hacia los márgenes superiores de la vegetación costera probablemente ocurrió a través de eventos de dispersión a larga distancia.

Agradecimientos: CONICYT, IEB y PFB-23, FONDECYT 1100916.

EL ALMACENAMIENTO DE CARBONO EN ÁRBOLES: HIPÓTESIS CLÁSICAS Y RECIENTES SOBRE SU FUNCIÓN (Carbon storage in trees: classical and new hypotheses about its role).

Piper¹ F. I., Zúñiga-Feest² Alejandra

¹ Centro de Investigación en Ecosistemas de la Patagonia, Ignacio Serrano 509, Coyhaique.

² Lab de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, campus Isla Teja, Valdivia.

Los carbohidratos no estructurales (NSC) son la principal forma de reserva de carbono en plantas capaz de suplir la producción fotosintética durante períodos de balance de carbono negativo. Su función, sin embargo, aún no está clara. Una explicación clásica sostiene que los NSC proveen energía para funciones metabólicas básicas y crecimiento cuando la ganancia de carbono es reducida. Basadas en esa explicación, hipótesis recientes establecen que procesos de envejecimiento y decaimiento en árboles están causados por una reducción ontogenética de la ganancia de carbono y subsecuentemente de las reservas de carbono. Se presenta un estudio en el que se examinó la concentración de NSC y la composición isotópica de carbono en 177 árboles de *Nothofagus pumilio* de diferentes edades y tamaños, en dos sitios de clima contrastante. No se encontró variación ontogenética en la

concentración de NSC en ninguno de los sitios. Solo en un sitio la composición isotópica de carbono evidenció reducciones ganancia de carbono con la edad del individuo. Los resultados no apoyan la hipótesis de escasez de reservas de carbono como causa de reducido crecimiento con la ontogenia, aun cuando reducciones en la ganancia de carbono puedan ocurrir.

Agradecimientos: DID S-2010-66.

ENZIMAS INTESTINALES DE LA MEMBRANA ESTRIADA DE ENTEROCITOS DE AVES PASERIFORMES: CORRELACIONES DIETARIAS Y FILOGENÉTICAS (Membrane-bound intestinal enzymes of passerine birds: dietary and phylogenetic correlates).

Ramírez-Otárola N.¹, Narváez C.¹ & Sabat P.^{1,2}

¹ Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

² CASEB, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

Ha sido ampliamente reportado que los niveles de las actividades enzimáticas de la chapa estriada de los enterocitos de vertebrados se correlacionan con la composición química de la dieta. En aves, la presencia/ausencia de ciertas enzimas digestivas tendría relación con los niveles de sustrato en la dieta. Sin embargo, los niveles de las actividades enzimáticas no han sido correlacionados con la dieta, usando la composición química como una variable continua, en una escala evolutiva. Usando análisis convencionales y contrastes filogenéticamente independientes, evaluamos el efecto de la dieta sobre la actividad de tres enzimas (sacarasa, maltasa y aminopeptidasa-N) en 16 especies de paseriformes de Chile Central. La actividad total de las tres enzimas mostró una asociación positiva con la masa corporal. Después de remover el efecto de la masa corporal y analizando el contenido nutricional específico de la dieta, encontramos una correlación negativa entre el porcentaje de nitrógeno en la dieta y la actividad de maltasa y de manera positiva con la razón aminopeptidasa-N/maltasa. Dadas las grandes diferencias interespecíficas en las capacidades bioquímicas, concluimos que estas diferencias reflejarían cambios evolutivos asociados con el contenido de nutrientes de la dieta natural de cada especie.

Agradecemos a FONDECYT (Proyecto 1080077).

**FILOGEOGRAFÍA DE WEINMANNIA TRICHOSPERMA:
HERENCIA GENÉTICA DE UNA HISTORIA GLACIAL**
(Phylogeography of *Weinmannia trichosperma*: Genetic legacy of a glacial history).

Montenegro, P.^{1,2}, Hinojosa L. F.^{1,2} & Pérez M. F.^{2,3,4}

¹ Laboratorio de Paleoecología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad, IEB.

³ Laboratorio Ecología Molecular y Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

⁴ Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad, CASEB.

Los cambios climáticos y geomorfológicos durante los ciclos glaciales e interglaciales del Cuaternario se han propuesto como los principales modeladores del patrón de distribución actual de especies de los bosques templados del sur de Sudamérica. En Chile, para el último máximo glacial, se ha propuesto, según evidencia biogeográfica, fósil y edáfica, que los taxa forestales vasculares habrían sobrevivido en áreas de refugio en la cordillera de la Costa. Recientemente, según evidencias genéticas, se ha postulado que los taxa forestales habrían sobrevivido en pequeños y múltiples refugios glaciales ubicados en áreas que habrían estado bajo la influencia directa del hielo. El objetivo del trabajo es la construcción de un modelo de expansión poblacional bajo un escenario postglacial utilizando un estudio filogeográfico en *Weinmannia trichosperma*. Los resultados indican concentración de la diversidad genética en el área de cordillera de Nahuelbuta y la escasa distancia genética entre haplotipos, sugiere un área de refugio glacial continua, centrado a los 40°S en cordillera de la Costa y Depresión Intermedia, siendo la distribución actual producto de una expansión desde esta zona.

Agradecimientos: proyectos FONDECYT 1060041-1090339, IMEB P05-002.

II GENÉTICA

ADN BACTERIANO DESDE CÁLCULO DENTAL HUMANO: UNA NUEVA FUENTE DE EVIDENCIAS GENÉTICAS (Bacterial DNA from human dental calculus: a novel source of genetic evidence).

de la Fuente, C.^{1,2}, Flores, S.², Moraga, M.¹

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

² Departamento de Antropología, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile.

La diversidad genética y evolución de poblaciones humanas ha sido sistemáticamente analizada mediante polimorfismos en el genoma y microbioma humano. En efecto, diversos microorganismos han sido analizados exitosamente para inferir eventos microevolutivos de sus hospederos.

El objetivo de este trabajo es contribuir al estudio de la flora bacteriana humana como estimador genético indirecto de su hospedero. En particular, se analizaron bacterias de la cavidad oral, utilizando como fuente de DNA bacteriano el cálculo dental, susceptible de ser analizado en individuos actuales y antiguos.

Se estableció un protocolo para la extracción de DNA bacteriano y se evaluó mediante amplificación por PCR la frecuencia de cinco bacterias (*Actinomyces naeslundii*, *Fusobacterium nucleatum*, *Streptococcus gordonii*, *Streptococcus mutans* y *Porphyromonas gingivalis*). La amplificación de DNA bacteriano fue posible en el 100% de las muestras actuales y en un 42,1% de las muestras antiguas, siendo en ambos casos *F. nucleatum* la bacteria identificada con mayor frecuencia. Además, para esta bacteria se identificaron dos o más variantes genéticas en un mismo individuo mediante clonación, para varios de los genes estudiados. Este análisis confirma el potencial del cálculo dental como fuente de DNA, siendo particularmente relevante en contextos arqueológicos.

Financiamiento: FONDECYT 1100643, 1110461, Anillo ACT-96.

AUSENCIA DE SEMILLAS EN VIDES, UN CARÁCTER COMPLEJO DE HERENCIA SIMPLE (Seedlessness in table grapes, a complex trait of simple inheritance).

Mejía, N., Ocañez, N., Guerrero, M., Soto, B., y Hinrichsen, P.
Centro Experimental La Platina, INIA. nmejia@inia.cl

La ausencia de semillas en uva de mesa, también llamada apirenia, es uno de los atributos de calidad más deseados en y aún no ha sido completamente caracterizada a nivel genético y molecular. Su caracterización genética es clave para el desarrollo de estrategias de fitomejoramiento convencional o molecular. Se han integrado recursos genómicos públicos y el análisis de QTLs para identificar y caracterizar un QTL mayor para apirenia que explica hasta un 78% de la variación fenotípica del carácter. Identificado en un extremo del cromosoma 18, el clonamiento posicional del QTL define una región de 92 kb que contiene cuatro genes, la información funcional de otras especies incluyendo *Vitis* sugiere que el factor trascricional, VvAGL11, miembro de la familia de proteínas MADS-box y gen homeótico para la identidad del óvulo sería el principal gen candidato responsable del fenotipo asemillado en vides.

La caracterización genética, molecular y transcripcional de VvAGL11 sugieren que la apirenia se debe a polimorfismos identificados en su región reguladora, los que a su vez serían responsables de la ausencia de expresión de VvAGL11 en estadios claves para el desarrollo del óvulo y, postfertilización, de la semilla. Se han desarrollado marcadores moleculares intragénicos para asistir el programa de mejoramiento genético local. Actualmente se está trabajando en la caracterización molecular y funcional de los alelos, semillados y apirénicos, del gen VvAGL11 mediante transformación genética de especies modelo y de vides.

Financiado por CORFO-INNOVA 08CT11PUD-07.

Patrocinio: P. Hinrichsen

VARIANTES DE RIESGO PARA FISURA LABIOPALATINA NO SIDRÓMICA (FLPNS) EN LOS PROMOTORES DE BMP4 EN UNA POBLACIÓN CHILENA (Risk variants for nonsyndromic cleft lip/palate (NSCLP) within BMP4 promoters in a Chilean population).

Suazo, J., Tapia, J., Castro, V., Blanco, R.
ICBM, Facultad de Medicina Universidad de Chile.

La proteína BMP4 es fundamental para el desarrollo maxilofacial, siendo postulada como candidato de fisura labiopalatina no sindrómica (FLPNS), malformación congénita con factores etiológicos genéticos y ambientales. Nuestro grupo publicó previamente en Chile, una asociación entre FLPNS y SNPs que delimitan una región que contiene a uno de los promotores de BMP4. El presente estudio detectó variantes de riesgo de FLPNS en los dos promotores de BMP4 (BMP4.1 and BMP4.2), utilizando secuenciación directa y análisis bioinformático en una muestra de 167 casos y 336 controles chilenos. En BMP4.1 se detectaron tres nuevas variantes (c.-5514G>A, c.-5365C>T y c.-5049C>T) en casos y no en controles. Para BMP4.2, el alelo G y el genotipo C/G de rs2855530 presentaron asociación con FLPNS solo en varones, mientras que el genotipo C/C podría tener un efecto protector, para el total de la muestra y para varones. Este dimorfismo sexual puede tener relación con la frecuencia mayor de casos varones con FLPNS en comparación con mujeres. Todas las variantes de riesgo generarían nuevos sitios de unión de factores de transcripción. Sin embargo, consideramos necesario realizar estudios funcionales para evaluar su capacidad de alterar la expresión de BMP4 y, por ende, su real contribución en la FLPNS.

Fondecyt 11090105.

OLFACCIÓN Y CONDUCTA DE PUPACIÓN EN DROSOPHILA (Olfaction and pupation behavior in *Drosophila*).

Del Pino, F. y Godoy-Herrera, R.
Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. fdelpino@med.uchile.cl

Hay un conocimiento detallado sobre la biología celular y molecular y la genética molecular de la olfacción y aprendizaje en larvas de *Drosophila*. Sin embargo, virtualmente no se conoce el mundo odorífero natural que envuelve a las larvas de *Drosophila* en sus sitios naturales de crianza y se desconoce en gran medida el escenario ecológico natural en el que ocurren situaciones de aprendizaje en estos individuos. Aquí se informa que larvas silvestres de *Drosophila melanogaster* y de *Drosophila pavani* utilizan señales odoríferas dejadas en el medio de crianza por congéneres y heteroespecíficos para orientarse espacialmente, para reconocer larvas congéneres y heteroespecíficas y para formar agregaciones de pupas de la misma especie. Tres mutantes, deficientes en receptores olfatorios (Or83b), en captación de vesículas sinápticas (Syn97CS) y en aprendizaje odorífero (rut), y larvas silvestres de *Drosophila gaucha*, no responden a esas señales químicas, no forman agregaciones de pupas y se mueven al azar sobre el substrato. Los patrones de reconocimiento estudiados parecen representar estrategias que ayudan al convivir de las larvas de especies de *Drosophila* de ecología similar. Los datos sugieren que el reconocimiento entre larvas incluye procesos de aprendizaje asociativo entre olores involucrados en la identificación de congéneres y heteroespecíficos.

Financiado por FONDECYT 1100110

III BOTÁNICA

BRIÓFITAS EN MALLINES DE LA COMUNA DE CISNES, REGIÓN DE AYSÉN, CHILE (Mallines bryophytes in the Commune of Cisnes, Aysén Region, Chile).

¹Ardiles V. & ²Promis A.

¹ Área Botánica Museo Nacional de Historia Natural.

² Department of Silviculture and Nature Conservation University of Chile.

Los Mallines son humedales muy característicos de la Patagonia, y en Chile se conoce muy poco de ellos. Para contribuir a su comprensión y conservación el presente trabajo analiza la riqueza y composición de briófitas que habitan dos comunidades pantanosas insertas en Mallines próximos a la comunidad de Puerto Cisnes en la región Aysén. Para ello seleccionamos un bosque pantanoso y una pradera artificial húmeda de junquillo. Los muestreos florísticos se realizaron en parcelas de 10x10m para cada unidad de bosque, colectando briófitas en la corteza de árboles y suelo. Hasta ahora la riqueza de especies es mayor en el bosque pantanoso que en la pradera (27 y 22 especies respectivamente). La riqueza de especies por sustrato es mayor en las cortezas de *Lomatia ferrugina* y *Nothofagus betuloides* (16 y 13 especies respectivamente). La composición de especies entre ambos sitios difiere principalmente en la presencia de las hepáticas foliosas y musgos del género *Zygodon*. Estos resultados serán complementados con índices de similitud entre las comunidades, análisis de riqueza de especies por sustrato e inferencias fitogeográficas. El presente trabajo se presenta como antecedente para contribuir a la protección de humedales y a la educación ambiental.

Agradecimientos Proyecto FPA CONAMA 11-006-2010.

FILOGENIA DE LOS RACOMITRIOIDEAE (BRYOPHYTA: GRIMMIACEAE): NUEVA EVIDENCIA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES (A phylogeny of the Racomitrioideae (Bryophyta, Grimmiaceae): new insights from molecular data).

Larraín, J.¹, Quandt D.², Stech, M.³, & Muñoz, J.⁴

¹ Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Chile.

² Nees-Institut für Biodiversität der Pflanzen, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität, Bonn, Alemania.

³ Nationaal Herbarium Nederland, Leiden, Holanda.

⁴ Real Jardín Botánico (CSIC), Madrid, España; Universidad Tecnológica Indoamérica, Ambato, Ecuador.

El tradicional género *Racomitrium* Brid. ha sido recientemente segregado en cuatro géneros –*Racomitrium*, *Niphotrichum* (Bednarek-Ochyra) Bednarek-Ochyra & Ochyra, *Codriophorus* P. Beauv. and *Bucklandiella* Roiv.– siguiendo una división infragenérica propuesta originalmente hace más de 100 años, basada en ciertos atributos morfológicos como la presencia y forma de las papilas de la lámina foliar, la presencia y forma de las puntas hialinas de las hojas, y la morfología de los dientes del peristoma y costa. En este trabajo presentamos una filogenia molecular del grupo utilizando marcadores moleculares tanto nucleares como cloroplastidiales, combinando regiones codificantes y no codificantes, sometiendo a prueba la monofilia de estas cuatro entidades morfológicas. Nuestros resultados confirman la monofilia de *Racomitrium s.str.*, y sugieren que *Niphotrichum* sería

parafilético sin la inclusión de *Codriophorus varius*. El resto de los *Codriophorus*, junto con *Bucklandiella*, representarían taxones polifiléticos. Sobre la base de esta evidencia, proponemos tomar el uso del nombre *Racomitrium* en un sentido amplio, para lo que proponemos nuevas combinaciones para especies recientemente descritas en los géneros *Bucklandiella* y *Codriophorus*.

Agradecimientos: CONICYT, MECESUP (Chile), Ministerio de Ciencia e Innovación (España), DAAD (Alemania).

ANÁLISIS DE LA ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE DE PÓLENES APÍCOLAS CHILENOS POTENCIALMENTE CONTAMINADOS CON METALES (Antioxidant activity of Chilean bee pollen polluted with metals).

Mejías E. y Montenegro G.

Laboratorio de Botánica, Departamento de Ciencias Vegetales, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. egmejias@uc.cl

El polen apícola corresponde a conglomerados de polen que la abeja melífera (*Apis mellifera*) traslada desde las flores a la colmena en una cavidad que posee en el tercer par de patas. Se ha descrito como un producto rico en nutrientes encontrándose diversos compuestos que le pueden conferir propiedades biológicas importantes como la capacidad antioxidante. El origen botánico de los pólenes apícolas es responsable de la naturaleza y propiedades de los compuestos bioactivos, cuya síntesis se encuentra en rutas metabólicas presentes en dichas especies vegetales. Chile posee una flora nativa muy variada, por lo cual, es posible encontrar pólenes apícolas provenientes de especies melíferas cuya composición química y potencial actividad antioxidante no han sido analizadas. Por otra parte, la producción de productos derivados de la colmena en zonas potencialmente contaminadas con metales, podría determinar la presencia de dichos elementos en la composición final de los pólenes apícolas allí producidos. De esta forma, se colectaron muestras de pólenes apícolas desde colmenas expuestas a contaminación por metales ubicadas al Norte, Centro y Sur de Chile. Se determinó su origen botánico con el fin de seleccionar aquellos pólenes producidos a partir de especies nativas. Posteriormente, estas muestras fueron químicamente analizadas para detectar y cuantificar la presencia de metales pesados en su contenido y para determinar la concentración de compuestos fenólicos y la actividad antioxidante. Finalmente, los valores obtenidos para las muestras analizadas de pólenes apícolas fueron comparados con sus respectivos controles, en relación a la presencia de metales y se analizaron los posibles efectos que dicha presencia pudiese ejercer sobre las actividades antioxidantes que estos pólenes apícolas poseen. Financiado por Proyecto FONDECYT POSTDOCTORADO 3110070 a Enrique Mejías Adjuntar Trabajo: EEB-D-11-00453_Mejias_y_Montenegro_2011.pdf

LA RESISTENCIA AL CONGELAMIENTO DE ESPECIES DE ALTA MONTAÑA CAMBIA CON LA ONTOGENIA (Summer freezing resistance of high-elevation plant species changes with ontogeny).

Sierra-Almeida A. & Lohengrin A. Cavieres.
ECOBIOSIS, Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Casilla 160-C, Concepción, Chile.
Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Casilla 653, Santiago, Chile.

Un aparente compromiso entre altas tasas de crecimiento y resistencia al congelamiento sugiere que las plántulas de especies de alta montaña son más sensibles a las heladas que las plantas adultas. Sin embargo, las plántulas experimentan temperaturas más bajas y por más tiempo cerca del suelo sugiriendo un patrón opuesto. Dada la inversa relación entre estatura de una planta y su resistencia al congelamiento, dichas diferencias entre plántulas y adultos sugieren cambios ontogenéticos en la magnitud y el tipo de mecanismo, especialmente en especies altas (e.g. arbustos). Por ello evaluamos los cambios ontogenéticos en la resistencia al congelamiento de 13 especies de los Andes de Chile central, determinando su temperatura de daño foliar y de nucleación del hielo y el tipo de mecanismo. Las plántulas fueron en promedio 3.4K menos resistentes que sus adultos, encontrándose mayores diferencias entre plántulas y adultos de especies altas. Seis especies cambiaron el tipo de mecanismo de resistencia al congelamiento con la ontogenia, incluyendo especies bajas y altas. Los cambios ontogenéticos en la resistencia al congelamiento de las especies alto-andinas parecen estar más relacionados con un compromiso entre crecimiento y resistencia a estrés que a las diferencias térmicas entre plántulas y adultos.

Agradecimientos: FONDECYT 1060910; P05-002 ICM (IEB-Chile).

IV BIOLOGÍA CELULAR

CRONOBIOLOGÍA DEL SUEÑO DE MOVIMIENTOS OCULARES RÁPIDOS (MOR) EN MAMÍFEROS NOCTURNOS Y CREPUSCULARES (Chronobiology of REM sleep among nocturnal and crepuscular mammals).

Ocampo-Garcés, A. y Castro J.
Programa de Fisiología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

La organización temporal de los estados del ciclo sueño-vigilia (CSV) permite optimizar el rendimiento de la actividad y el reposo, ajustando la conducta de los individuos a nichos temporales efímeros de las fases nocturna, diurna y crepusculares. El sueño de movimientos oculares rápidos (MOR) es un marcador de la modulación circadiana de la conducta. En mamíferos nocturnos y diurnos se observa un perfil temporal unimodal del sueño MOR, con acrofase en torno al medio día y la media noche respectivamente. Hemos registrado el CSV de la rata, el cururo (*Spalacopus cyanus*) y el degu (*Octodon degus*) obteniendo un patrón característicamente nocturno en las dos primeras especies y crepuscular en el degu. Los mamíferos crepusculares exhiben típicamente dos fases de actividad asociadas al amanecer y el atardecer respectivamente. Este particular perfil bimodal de la actividad determina dos fases de reposo anticrepusculares asociadas al mediodía y la medianoche de privación de sueño demuestran que la especie crepuscular despliega una respuesta compensatoria de sueño MOR solo después de la privación de sueño nocturno, sugiriendo que los determinantes cronobiológicos del sueño nocturno son diferentes de los del sueño diurno en el degu. Proponemos un modelo cronobiológico que incorpora la modulación circadiana, mecanismos homeostáticos de los estados de sueño y procesos de enmascaramiento del ritmo endógeno.

FONDECYT 1100245

BLOQUEO DE LA ACTIVIDAD REPRODUCTIVA EN MAMÍFEROS UTILIZANDO UNA VACUNA RECOMBINANTE CONTRA LA HORMONA LIBERADORA DE GONADOTROFINAS GNRH-I (Blocking of reproductive activity in mammals using a recombinant vaccine against gonadotrophin releasing hormone GnRH-I).

Sáenz, L.

Centro Biotecnológico Veterinario (BIOVETEC), Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

La actividad reproductiva en animales, frecuentemente es manejada para evitar conductas sexuales indeseadas o evitar la reproducción excesiva. La esterilización quirúrgica, si bien es un método definitivo, muchas veces su implementación es costosa o causa sufrimiento al animal. En este sentido las vacunas anticonceptivas y específicamente la "inmunocastración", surge como una alternativa sumamente valorada. La formación de un hapteno unido a una proteína carrier ha sido el método más utilizado para este tipo de vacunas, pero la tolerancia antigénica que genera este tipo de diseño, evita que estas vacunas tengan un efecto prolongado. Este trabajo muestra el desarrollo de una vacuna contra la hormona GnRH-I que utiliza como antígeno una proteína recombinante con repetición en tándem de la secuencia de la hormona y sin una proteína carrier que aumente su inmunogenicidad. Este antígeno en diferentes estrategias adyuvantes ha demostrado ser capaz de bloquear la actividad reproductiva en diferentes especies mamíferas.

Agradecimientos: Trabajo financiado por el Proyecto FONDEF D08I1085.

AMYLOID β -PEPTIDE OLIGOMERS STIMULATE RYR-MEDIATED Ca^{2+} RELEASE INDUCING MITOCHONDRIAL FRAGMENTATION IN HIPPOCAMPAL NEURONS AND PREVENT RYR-MEDIATED DENDRITIC SPINE REMODELING PRODUCED BY BDNF

Paula-Lima^{1, 2}, A. C. Tatiana Adasme², Carol SanMartín², Adriano Sebollela³, Claudio Hetz^{3, 4}, M. Angélica Carrasco^{2, 4}, Sergio T. Ferreira³ and Cecilia Hidalgo^{2, 4}.

¹ Departamento de Ciencias Básicas y Comunitarias, Facultad de Odontología, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

² Centro de Estudios Moleculares de la Célula.

³ Programas de Biología Celular y Molecular.

⁴ Fisiología y Biofísica, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

⁵ Programa de Bioquímica e Biofísica Celular, Instituto de Bioquímica Médica, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Brasil.

Soluble amyloid β -peptide oligomers (AbOs), increasingly recognized as causative agents of Alzheimer's disease (AD), disrupt neuronal Ca^{2+} homeostasis and synaptic function. Here, we report that AbOs at sublethal concentrations generate prolonged Ca^{2+} signals in primary hippocampal neurons; incubation in Ca^{2+} -free solutions, inhibition of ryanodine receptors (RyRs) or N-methyl-D-aspartate receptors (NMDARs), or preincubation with N-acetyl-L-cysteine abolished these signals. AbOs decreased (6 h) RyR2 and RyR3 mRNA and RyR2 protein, and promoted mitochondrial fragmentation after 24h. NMDAR inhibition abolished the RyR2 decrease, whereas RyR inhibition prevented significantly the RyR2 protein decrease and mitochondrial fragmentation induced by AbOs. Incubation with AbOs (6 h) eliminated the RyR2 increase induced by brain-derived nerve factor (BDNF) and the dendritic spine remodeling induced within minutes by BDNF or the RyR agonist caffeine. Addition of BDNF to neurons incubated with AbOs for 24h, which had RyR2 similar to and slightly higher RyR3 protein content than those of controls, induced dendritic spine growth but at slower rates than in controls. These combined effects of sublethal AbOs concentrations (which include redox-sensitive stimulation of RyR-mediated Ca^{2+} release, decreased RyR2 protein expression, mitochondrial fragmentation, and prevention of RyR-mediated spine remodeling) may contribute to impairing the synaptic plasticity in AD.

V EVOLUCIÓN

EVOLUCIÓN DE LA REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL EN CÉLULAS ESQUELÉTICAS (Evolution of the skeletal cell-specific transcriptional regulation).

Marcellini S., Aldea D., Hanna P., Fuentealba J., Torrejón M.
Universidad de Concepción.

El origen de los vertebrados se acompañó de la emergencia de un programa transcripcional que permitió a algunas células altamente especializadas producir matriz mineralizada. Por un lado, los osteoblastos se ubican en la superficie del hueso y expresan genes que codifican para proteínas secretadas en la matriz ósea. Los osteocitos por su parte, están embebidos en la matriz, y activan la transcripción de genes cuya función es controlar la actividad osteoblástica. Sorprendentemente, se ha demostrado que ortólogos de muchos de los genes específicos de osteoblastos y osteocitos se encuentran también en el genoma de animales invertebrados. Por lo tanto, se hace indispensable entender cuál era la función ancestral de dichos genes, antes de ser reclutados en el programa transcripcional de osteoblastos y osteocitos. En el presente trabajo, describimos la evolución del gen S.P.A.R.C., que codifica para una proteína de la matriz extracelular. Demostramos que este gen se expresa fuertemente en osteoblastos y osteocitos de anfibios. Análisis filogenéticos revelan, por primera vez, que este gen pertenece a una familia marcada por una amplia historia de duplicaciones y deleciones independientes. Para dilucidar su función ancestral, clonamos sus ortólogos en invertebrados cordados (tunicata y anfibio), y describimos sus patrones de expresión durante el desarrollo embrionario. Estos resultados aportan a la comprensión de la aparición evolutiva de las células esqueléticas.

Agradecimientos: FONDECYT regular 1110756.

SISTEMA DE APAREAMIENTO Y MULTIPATERNIDAD EN EL ERIZO INCUBANTE ANTÁRTICO, *ABATUS AGASSIZII* (Mating system and multipaternity in the Antarctic brooder *Abatus agassizii*).

Maturana, C.S. & Poulin, E.
Instituto de Ecología y Biodiversidad. Facultad de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile, Casilla 653, Santiago, Chile.

Este trabajo se enmarca en conocer cuáles serían las consecuencias microevolutivas en el sistema de reproducción de invertebrados marinos con desarrollo no pelágico, altamente predominante en la Antártica. *Abatus* es un género caracterizado por un desarrollo directo, retención de los gametos femeninos e incubación. Con el objetivo de conocer el sistema de apareamiento y nivel de multipaternidad en la especie *Abatus agassizii*, se realizó un análisis de parentesco utilizando microsatélites. El muestreo fue realizado por buceo utilizando un transecto en Bahía Fildes, Isla Rey Jorge. Se evaluó la diversidad genética de la población usando 6 microsatélites polimórficos, desarrollados especialmente para este estudio. Basado en 66 individuos adultos, el número promedio de alelos fue de 13 y la heterocigosidad observada de 0.623. Los análisis de parentesco fueron realizados comparando los genotipos multilocus maternos y de la camada. En un total de 6 madres analizadas se encontró un promedio de 4 padres putativos. Esto indicaría, que esta especie presenta un sistema poliándrico con multipaternidad moderada. A pesar

de la retención de gametos y crías por parte de la hembra, las estrategias reproductivas desarrolladas por esta especie, evitaría la generación de estructuras familiares a pequeña escala, eludiendo los efectos de la endogamia.

MOLECULAR PHYLOGEOGRAPHY OF *PHYLLOTIS DARWINI* (RODENTIA: CRICETIDAE: SIGMODONTINAE), FROM THE CENTRAL CHILE HOTSPOT (Filogeografía Molecular de *Phyllotis Darwini* (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae), del hotspot de Chile central).

Gutiérrez-Tapia, P. & Palma R. E.
CASEB and Laboratorio de Biología Evolutiva, Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Phyllotis darwini es un roedor endémico del hotspot de Chile central. Existe evidencia que señala la existencia de patrones generales de diversificación en varios hotspots de, que serían explicados por la historia geoclimática de cada región. Hipotetizamos que los vertebrados endémicos deben presentar un patrón filogeográfico con huellas de los principales rasgos geográficos y la historia geoclimática reciente. También se investigó una correlación hipotética entre la tasa de especiación y la tasa de evolución molecular. Se espera que si la tasa de especiación es relativamente alta en el hotspot, los taxa endémicos deben presentar patrones de marcada diferenciación genética, y esta diferenciación debiese estar asociada a los rasgos geoclimáticos recientes del hotspot. Secuenciamos el dominio hipervariable II del genoma mitocondrial a lo largo del rango de distribución. Se reconstruyó la filogenia y red de haplotipos. También se evaluó la estructura genética y la existencia de aislamiento por distancia. Se encontró una marcada diferenciación genética en dos clados principales, uno de ellos en el valle, y el segundo restringido a localidades altoandinas. Se concluyó que las poblaciones altoandinas son resultado de efecto fundador gatillado por la dinámica glacial Pleistocénica, mientras que en el valle la diferenciación es consecuencia de aislamiento por distancia.

Acknowledgements CASEB, FONDECYT 1100558 and Chile Hantavirus project.

DIVERGENCIA LATITUDINAL EN LA COMUNICACION ACUSTICA DE *PLEURODEMA THAUL* (ANURA: LEIUPERIDAE) (Latitudinal divergence in the acoustic communication of *Pleurodema thaul* (ANURA: LEIUPERIDAE)).

Velásquez, N. A.¹, Méndez, M.², Vásquez, R. A.³ & Penna, M.¹

¹ Laboratorio de Neuroetología, ICBM, Universidad de Chile.

² Laboratorio de Genética y Evolución, Dpto. Cs. Ecológicas, Universidad de Chile.

³ Laboratorio de Ecología Terrestre, IEB, Universidad de Chile.

Patrocinio: Marco Méndez.

La variación intraespecífica de las señales es importante en la evolución de las especies ya que pueden constituir barreras precigóticas que promuevan el aislamiento reproductivo y la especiación. El objetivo del presente estudio fue caracterizar la variación intraespecífica de las señales acústicas de *P. thaul* y estudiar las consecuencias de esta variación sobre las preferencias sexuales de las hembras y las respuestas vocales de los machos, en una especie que presenta una gran distribución geográfica en Chile. Las señales acústicas presentaron una gran variación entre las poblaciones estudiadas (Carrera Pinto, Totoral, Los Maitenes, Osorno y La Picada) revelando dos grupos bioacústicos a lo largo de la distribución geográfica de esta especie. Las distancias bioacústicas no se correlacionan tanto con las distancias genéticas ni con las distancias geográficas entre las poblaciones lo cual apoya la existencia de estos dos grupos. Por otro lado, las hembras no mostraron preferencias por ningún tipo de señal ya sea local o foránea. En contraste, los machos mostraron fuertes diferencias entre las poblaciones, concordantes con los dos grupos bioacústicos descritos. Así, las señales acústicas de *P. thaul* no actúan como barreras precigóticas pero si afectan el reconocimiento conspecífico lo cual genera divergencias en la comunicación de esta especie a lo largo de su distribución en Chile.

Agradecimientos: CONICYT AT24080118. FONDECYT 1080459 y 1090794. ICM-P05-002. PFB-23-CONICYT. Iniciativa Transversal Domeyko 1.

VI ECOLOGÍA

RECLUTAMIENTO CONTEXTO-DEPENDIENTE DE GUETTARDA VIBURNOIDES (RUB.) EN SABANAS INUNDABLES DE BOLIVIA (Context-dependent recruitment of *Guettarda viburnoides* (RUB.) in flooded Bolivian savannas).

Loayza, A. P., Loiselle B. A. Ríos, R. S.

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de La Serena

La dispersión de semillas por frugívoros es un proceso clave para la regeneración de plantas. Los patrones de dispersión que generan los frugívoros pueden permanecer a lo largo del ciclo de reclutamiento, o puede haber un desacoplamiento entre los estados de desarrollo de las plantas. En este estudio, analizamos cómo el hábitat y la variabilidad interanual afecta la dinámica de reclutamiento de *Guettarda viburnoides*. Durante tres años, determinamos los hábitats donde son dispersadas las semillas, y cuantificamos experimentalmente la depredación postdispersión, la emergencia y sobrevivencia de plántulas en cuatro hábitats. El hábitat afecta la dispersión, depredación y emergencia de semillas. Sin embargo, la magnitud de los procesos de postdispersión varió entre años, y no encontramos un patrón consistente a nivel de hábitat. Hubo desacoplamiento entre los distintos estados de desarrollo, pero concordancia entre los patrones de dispersión y los de reclutamiento. Nuestros resultados muestran que un hábitat puede ser adecuado para el establecimiento un año y no otro. Consecuentemente, para estudios de dinámicas poblacionales es fundamental considerar no solo la variación en la especificidad de hábitats para la dispersión y procesos de postdispersión, sino también cómo esta variación puede cambiar bajo condiciones ambientales diferentes; es decir, la contexto-dependencia de los sitios adecuados del hábitat.

EMISIONES DE CO₂ Y N₂O EN CONDICIONES VARIABLES DE HUMEDAD Y NITRÓGENO BIODISPONIBLE EN SUELOS VOLCÁNICOS: BASES PARA INVESTIGACIONES EN VEGETACIÓN RIPARIANA DE ZONAS AGROPECUARIAS (Emissions of CO₂ and N₂O under variable conditions of moisture and bio-available Nitrogen in volcanic soils: basis for research in riparian vegetation of livestock zones).

Paulino, L.¹, Flores, M.¹, Muñoz, C.¹, Zagal, E.¹, Dörner, J.², Cuevas, J. G.³

¹ Universidad de Concepción, Chillán.

² Universidad Austral de Chile, Valdivia.

³ Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Valdivia.

El uso del suelo en actividades agrícolas y forestales, altera los flujos de CO₂ y N₂O, y son influenciados por el contenido de agua y N biodisponible del suelo. Sin embargo, dichos patrones carecen de investigación en suelos volcánicos de uso agropecuario en Chile. Incubaciones de un suelo volcánico (Serie Mayulermo) bajo condiciones de laboratorio permitieron evaluar flujos de gases a través de cromatografía gaseosa. Se observaron diferencias significativas entre los flujos de CO₂ y N₂O bajo distintos niveles de agua libre en los poros del suelo (WFPS), donde las emisiones de CO₂ fueron más elevadas con un 60% WFPS, mientras que las emisiones de N₂O fueron mayores con 90% WFPS, confirmando la actividad microbiana anaeróbica de desnitrificación del suelo. El contenido de N biodisponible del suelo presentó una correlación significativa con los flujos gaseosos indicando la importancia ambiental del uso de fertilizantes nitrogenados en estos suelos. La presente investigación sienta precedentes para el conocimiento de vegetación ripariana como filtro ambiental de actividades agropecuarias.

Agradecimientos: Fondecyt 1110156 y 1080076.

Patrocinio: Dr. Jaime Cuevas.

LOS ROLES Y RELACIONES FUNCIONALES CAMBIAN DURANTE LA SUCESIÓN EN UN ENSAMBLE DE HERBÍVOROS (Roles and functional relationship change through succession in an herbivore assemblage).

^{1,2}**Aguilera, M. A.**, ¹Navarrete, S. A.

¹ Estación Costera de Investigaciones Marinas, Las Cruces, and Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity, Pontificia Universidad Católica de Chile.

² Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte, Coquimbo, Chile.

A pesar del gran interés en caracterizar la estructura funcional de distintos ensambles, pocos estudios han examinado como cambian los roles y relaciones funcionales durante la sucesión comunitaria. Variación en los rasgos de la flora que caracteriza distintas fases y estados de la sucesión comunitaria intermareal, probablemente determina la magnitud y dirección de los efectos y por tanto los niveles de redundancia y complementariedad al interior del ensamble de herbívoros. A través de experimentos de terreno y laboratorio, cuantificamos los cambios en la magnitud y dirección de los efectos de consumo de moluscos herbívoros intermareales durante estados tempranos y tardíos de sucesión comunitaria en la zona central de Chile. Durante estados tempranos de sucesión (0-3 meses), la mayoría de los herbívoros tuvo efectos similares en la colonización de algas efímeras del tipo ulvoides. Sin embargo,

cuando estas algas alcanzaron sus estados adultos (~3-6 meses), solo la especie *Fissurella crassa* pudo controlar su abundancia. Durante estados tardíos de sucesión, *F. crassa* fue la única especie capaz de controlar la abundancia del alga corticada *Mazzaella laminarioides*. Las relaciones funcionales al interior del ensamble de herbívoros cambiaron desde efectos redundantes durante la colonización de algas efímeras, a un efecto dominante ("keystone") durante estados tardíos de sucesión. Se enfatiza la necesidad de evaluar la estructura funcional en ensambles de consumidores durante distintos estados de sucesión comunitaria, y así realizar mejores predicciones sobre sus capacidades de resiliencia frente a perturbaciones humanas.

DEMOGRAPHIC ANALYSIS REVEALS PRECARIOUS STATUS OF A REMNANT POPULATION OF CROCODYLUS ACUTUS IN PORTETE BAY (COLOMBIA, GUAJIRA).

Espinosa-Herazo, M. Inés, Bertin, A. González, J. Mejía, F. Guerra, M. Báez, L. Gouin Ni. and Patiño E.

Although several populations of the American crocodile (*Crocodylus acutus*) are now showing signs of recovery, many populations remain critically endangered in countries such as Colombia where the lack of detailed surveys on the ecology and distribution of this species constitutes a major barrier to the development of effective conservation strategies. In this study, we conducted a three-year capture-recapture survey to investigate the status of *C. acutus* in Portete Bay, an area previously identified as a Crocodile Conservation Unit of high priority in Caribbean South America. Our results indicate that this population is relatively small (less than 140 animals), includes very few adults and shows a strong deficit in females in the juvenile class. Both mean air temperature and relative humidity were positively correlated with the number of sightings. In contrast, mean water salinity was found to decrease the probability of observing a crocodile. In conclusion, the *C. acutus* population of Portete Bay shows various signs of being at risk and actions are strongly needed to ensure its persistence. Habitat conservation, particularly in areas characterized by low salinity and relatively high temperature and humidity, should be a priority.

Keywords: Capture-recapture, conservation biology, crocodile, demography, environmental variables, mangrove.

INTERACCIONES POSITIVAS EN UN AMBIENTE EXTREMO: CARPETAS DE MUSGOS FACILITAN A *DESCHAMPSIA ANTARCTICA* EN LA ANTÁRTICA
(Positive interactions in an extreme environment: moss carpets facilitate *Deschampsia antarctica* in the Antarctica).

Casanova-Katny M. A.¹ & Cavieres L. A.^{2,3}

¹ Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción.

² Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

³ Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Santiago, Chile.

Summary *Deschampsia antarctica* is one of two native vascular plant species in the Antarctic. Although its physiological adaptations to adverse abiotic conditions have been extensively studied, little is known about its successful recruitment. The most dominant components of the Antarctic tundra are mosses. Although several authors indicate that tolerance and/or competition should be the main interactions between moss carpets and *D. antarctica*, no relevant studies exist so far. Moreover, recent models predict that facilitative interactions are not relevant under stress conditions. We determined frequency of *Deschampsia antarctica* in moss carpets on different sites along the west coast of the Antarctic Peninsula. Number and size of *D. antarctica* tussocks in each microhabitat (moss-carpet and bare areas) were also measured. On one island we removed the neighbouring moss-carpet of target individuals and planted seedlings within and outside moss-carpet to assess the relevance of the moss-carpet for different life-stages of this species. Across the studied zone, *D. antarctica* showed significant association to moss carpets. Quadrants on moss-carpet contained more and larger individuals than quadrants on bare ground. All experimental individuals survived until the following summer regardless if the moss-carpet was removed or not. However, individuals with their moss-carpet removed showed a significantly lower growth rate than control individuals. Likewise, the growth rate of tillers within the moss-carpet was significantly higher than on bare ground.

The presence of mosses facilitates growth of *Deschampsia antarctica*, but not its survival. The detected positive interactions with mosses seem to be important for the expansion of this species, raising the question about their importance under future climate change scenarios.

Financiamiento: INACH T0307.

Paneles I



BR

EVOLUCIÓN

1. PATRONES FILOGEOGRÁFICOS Y DIVERSIDAD GENÉTICA EN HUEMUL REVELAN REFUGIOS AL ESTE DE LOS ANDES Y LOS CANALES DE LA PATAGONIA (Phylogeographic patterns and genetic diversity in huemul reveal refuges at the east of the Andes and in Patagonian channels).

¹Vásquez, J. P.; ¹Cortés, J.; ¹Venegas, C.; ^{1, 2}Varas, V.; ³López, R.; ⁴Vilá, A.; ²Corti, P. y ¹Marín, J. C.

¹ Universidad del Bío-Bío.

² Universidad Austral de Chile.

³ CODEFF.

⁴ WCS.

El huemul es el ciervo más amenazado de América del Sur, que habita en los Andes del sur de Chile y Argentina. En la actualidad, la población total se estima en menos de 2.000 ejemplares, o probablemente menos del 1% de su abundancia histórica. Aquí examinamos las relaciones filogeográficas y la estructura genética del huemul, analizando la secuencia de 750pb del d-loop y 14 loci microsatélite de 276 muestras obtenidas a lo largo de toda su distribución actual. Nuestros resultados muestran 64 haplotipos agrupados en tres clusters (Chillán, Patagonia Norte y Patagonia Sur), sobre la base de análisis Bayesiano, con una zona de discontinuidad genética que coincide con el Lago General Carrera-Buenos Aires. Con una diversidad genética poblacional generalmente baja, excepto en Los Alerces (Este de los Andes) y la Isla Wellington (canales patagónicos), dos posibles refugios, es posible sugerir que la separación de huemules en tres grupos filogeográficos, fue influenciada por las oscilaciones climáticas durante el Pleistoceno, el aislamiento geográfico y la fragmentación de su hábitat de los últimos años. Nuestros resultados favorecerán futuras decisiones de conservación para la especie.

FONDECYT 11080098.

2. SISTEMÁTICA MOLECULAR DE CIERVOS NEOTROPICALES Y GÉNERO *HIPPOCAMELUS* (CAPREOLINAE: CERVIDAE) (Molecular systematics of neotropical deer and *Hippocamelus* genus (Capreolinae: Cervidae)).

¹Cortés, J.; ¹Venegas, C.; ¹Vásquez, J. P.; ^{1, 2}Varas, V.; ³López, R.; ²Corti, P. y ¹Marín, J. C.

¹ Universidad del Bío-Bío.

² Universidad Austral de Chile.

³ CODEFF.

La familia Cervidae tiene su origen en Asia durante el Mioceno y ocupó América 4,2-5,7 millones de años atrás. Numerosos trabajos han descrito las relaciones filogenéticas de los cérvidos usando diversos tipos de marcadores moleculares, sin embargo, ninguno de ellos ha tratado con profundidad las relaciones filogenéticas de las especies de Sudamérica, en especial las especies del género *Hippocamelus*. El género *Hippocamelus* está representado por la taruca (*Hippocamelus antisensis*), ciervo andino del Perú, Bolivia, Argentina y Chile, y el huemul (*Hippocamelus bisulcus*), ciervo del sur de los Andes de Argentina y Chile. Aquí analizamos las relaciones filogenéticas de los ciervos sudamericanos, con énfasis en el género *Hippocamelus*, usando la secuencia de 2 genes mitocondriales (cit. b y CO II) y dos intrones de genes nucleares (μ LAB y PRKCI). Nuestros resultados revelan altos niveles de divergencia molecular entre grupos morfológicamente

similares, particularmente en el género *Hippocamelus*, sugiriendo un origen polifilético. Todas las topologías muestran a taruca como grupo hermano de *Ozotoceros bezoarticus* (ciervo de las pampas), y a huemul como grupo hermano de *Blastoceros dichotomus* (ciervo de los pantanos). Nuestros resultados nos acercan también a la estructura filogeográfica de huemul y taruca, los que redundan en futuras decisiones de conservación para las especies.

FONDECYT 11080098.

3. ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD HAPLOTÍPICA EN CABALLO CHILOTE, UTILIZANDO LA REGIÓN D-LOOP MITOCONDRIAL (Study of haplotypic diversity of chilote horse, using mitochondrial D-loop region).

Lagos, C., Saldarriaga, M. y Obreque, V.

Centro de Biotecnología. Facultad de Ciencias. Universidad Iberoamericana de Ciencias y Tecnología. Santiago, Chile.

El Caballo Chilote es una de las razas de caballo presentes en Chile con características únicas bien definidas, existiendo pocos estudios genéticos importantes que caractericen la estructura poblacional y el acervo genético de esta raza. Con el fin de indagar las variaciones del ADN mitocondrial y el origen e historia de los linajes maternos de esta raza, se analizó la secuencia de 269 pb de la región D-loop de 57 muestras de Caballos Chilotes, detectando 12 haplotipos y 9 sitios informativos para parsimonia. Los haplotipos más frecuente en la población estudiada correspondieron al haplotipo 6 (40,5%) y el haplotipo 10 (13,5%), en tanto que el haplotipo 3 y el haplotipo 12 presentaron la menor frecuencia (1,4%). La diversidad haplotípica (Hd) evaluada fue de 0,7938. Los datos obtenidos fueron analizados en el contexto global de las razas de caballos domésticos.

4. CITOGENÉTICA DE *NOTHOFAGUS OBLIQUA* (MIRB.) OREST. Y *NOTHOFAGUS DOMBEYI* (MIRB.) OREST. (FAGALES: NOTHOFAGACEAE) [Cytogenetics of *Nothofagus obliqua* (Mirb.) Orest. and *Nothofagus dombeyi* (Mirb.) Orest. (Fagales: Nothofagaceae)].

Cárcamo-Fincheira, P., Jara-Seguel, P., Valdebenito, I. & Romero-Mieres, M.

Universidad Católica de Temuco.

El género *Nothofagus*, incluye 36 especies de distribución gondwánica. En Chile, este género está representado por 10 especies y un híbrido, formando parte importante de los ecosistemas boscosos australes. Los antecedentes citogenéticos existentes para *Nothofagus* son escasos, con descripciones sobre números cromosómicos en cinco especies de Sudamérica y siete de Oceanía. Con el objetivo de incrementar los datos citogenéticos para especies chilenas, en el presente trabajo se describe el número cromosómico de *Nothofagus obliqua* y *N. dombeyi*. Plantas jóvenes de las dos especies fueron obtenidas de un vivero de flora nativa. Los cromosomas se obtuvieron por aplastado de ápices radiculares previamente tratados con colchicina, fijados en Carnoy, hidrolizados con HCl 1N, tratados con pectinasa y teñidos con orceína acética. El conteo cromosómico se realizó sobre impresiones fotográficas ampliadas. El número cromosómico $2n = 26$ fue el de mayor frecuencia en un total de diez metafases analizadas para cada especie y en un rango entre 24 y 26 cromosomas. Estos resultados confirman el número $2n = 26$ previamente descrito para especies chilenas del género *Nothofagus*. Se discuten estos resultados y su aporte al conocimiento citogenético del género.

Patrocinio: P. Jara Seguel.

5. CARACTERIZACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES CHILENAS DE CALAFATE (*Berberis microphylla*) Characterization of the genetic diversity in Chilean populations of calafate (*Berberis microphylla*).

Varas, B., Castro, M. H., e Hinrichsen, P.
INIA La Platina. Santiago, Chile.

El calafate (*Berberis microphylla*) es un arbusto endémico de la Patagonia. Sus frutos presentan altos contenidos de vitamina C y de antocianos, además de un alto poder antioxidante, usándose en diversos preparados alimenticios y brebajes. Por otra parte, su explotación se basa en recolección de frutos silvestres, con un bajo rendimiento. Prácticamente no hay estudios genéticos en las poblaciones chilenas de calafate. En este trabajo se presenta la primera fase de la caracterización de estas poblaciones de *Berberis microphylla* y otras especies del género *Berberis* usando marcadores genéticos de tipo microsátélites (SSR) y AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*). Mediante secuenciación genómica masiva y uso de una genoteca enriquecida, se han identificado ca. 70 marcadores SSR. La mayoría de ellos es polimórfica en 90 accesiones colectadas desde Tierra del Fuego a la Región del Maule. Una fracción de estos marcadores también fue informativa en otras especies chilenas y exóticas de *Berberis sp.* El análisis combinado de los resultados de marcadores SSR y AFLP (15 combinaciones de partidores) permitirá establecer si hay subgrupos genéticamente diferenciables en las poblaciones chilenas de calafate, determinar la similitud genética interespecifica con otros *Berberis* presentes en Chile, y en base a esta información, proponer esquemas de conservación del recurso y estrategias para su domesticación y uso racional.

Financiación: Proyecto FONDECYT 1100944

6. EVOLUCIÓN CROMOSÓMICA EN EL GÉNERO LUZURIAGA R. ET P. (LILIALES: LUZURIAGACEAE) [Chromosomal evolution in the genus *Luzuriaga* (Liliales: Luzuriagaceae)].

Jara-Seguel, P.¹, Jara-Arancio, P.² y Palma-Rojas, C.³
Universidad Católica de Temuco¹, Universidad de Chile²,
Universidad Andrés Bello², Universidad de La Serena³.

El género *Luzuriaga*, incluye tres especies en Sudamérica austral (*L. radicans*, *L. polyphylla* y *L. marginata*) y una en Oceanía (*L. parviflora*). Para estas especies se han documentado numerosas descripciones morfológicas, paleobiogeográficas, citogenéticas y de filogenia molecular. Sin embargo, son escasas las interpretaciones evolutivas de estos antecedentes. La propuesta filogenética más incluyente, basada en secuencias ADNcp/mt, muestra a *L. radicans* en posición basal, especie que retendría la mayor cantidad de caracteres moleculares ancestrales. Considerando esta filogenia sería esperable que *L. radicans* sea también la especie que retenga la mayor cantidad de caracteres cariotípicos ancestrales dentro del género. Para contrastar esta hipótesis, se analizan y comparan, mediante un Carioidiograma e índices de asimetría, los cariotipos de las cuatro especies. Todas las especies tienen un cariotipo 2n=20 y comparten varios pares de cromosomas morfológicamente similares. Sin embargo, *L. radicans*, además de poseer el cariotipo menos bimodal y con menor asimetría, es la que comparte el mayor número de cromosomas de similar morfología con cada una de las otras especies. Estos resultados, aunque parciales, sugieren que *L. radicans* retendría estados de caracteres cariotípicos ancestrales dentro del género

y las otras especies mostrarían estados derivados. Se discute la asociación general entre atributos paleobiogeográficos, moleculares y citogenéticos.

7. CITOGENÉTICA DE FRAGARIA CHILOENSIS DUCH (ROSACEAE) Y UGNI MOLINAE (TURCZ) (MYRTACEAE) [Cytogenetics of *Fragaria chiloensis* Duch (Rosaceae) and *Ugni molinae* (Turcz.) (Myrtaceae)].

Poff, C.¹, Jara-Seguel, P.¹, & Palma-Rojas, C.²

¹ Universidad Católica de Temuco

² Universidad de La Serena

La información citogenética disponible para plantas nativas de Chile es escasa y en angiospermas solamente existen datos para un 2,7% de ellas. *Ugni molinae*, se distribuye entre el Maule y Los Lagos, estando también presente en Juan Fernández. Para esta especie, se ha documentado previamente un recuento cromosómico en una población insular, mostrando un número 2n=22 (x=11). *Fragaria chiloensis*, se distribuye por toda la costa del Pacífico hasta Alaska. En Chile, crece desde Ñuble hasta Aysén y también en Juan Fernández. Para poblaciones norteamericanas de esta especie se ha descrito previamente un número cromosómico octoploide 2n=56, (x=7), pero no existen datos para poblaciones chilenas. El objetivo de este trabajo es determinar el número cromosómico de poblaciones de *U. molinae* y *F. chiloensis* que habitan en Chile continental. Los cromosomas se obtuvieron por aplastado de ápices radiculares previamente tratados con colchicina, fijados en Carnoy, hidrolizados con HCl 1N, tratados con pectinasa y teñidos con orceína acética. El conteo cromosómico se realizó sobre impresiones fotográficas ampliadas. *U. molinae*, muestra un número cromosómico 2n=22 similar al descrito previamente para una población de J. Fernández, mientras que *F. chiloensis* muestra un 2n=56 similar al descrito para poblaciones de Norteamérica. Se discuten estos resultados y su aporte al conocimiento citogenético de los géneros *Ugni* y *Fragaria*.

Patrocinio: P. Jara Seguel.

8. VALIDACIÓN DE UN MÉTODO ECONÓMICO Y NO DESTRUCTIVO PARA OBTENER DATOS GENÉTICOS EN ANFIBIOS (Validation of a cheap and non destructive method for obtaining genetic data in amphibians).

Gallardo C. E., Correa C., Morales P., Sáez P.A., Pastenes L. & Méndez M. A.

Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Domeyko en Biodiversidad Iniciativa Transversal I, Universidad de Chile.

Recurrir a métodos no destructivos para obtener DNA en anfibios (ej: tórculas bucales) permite realizar estudios genéticos sin afectar la sobrevivencia de los especímenes. Para utilizar este tipo de muestras es necesario previamente evaluar su confiabilidad. En este trabajo comparamos las tórculas bucales *versus* la membrana interdigital (muestra control) de dos especies de anfibios: *Rhinella spinulosa* y *R. atacamensis*. Comparamos además dos métodos de extracción de DNA: kit y sales. Evaluamos la integridad del DNA amplificando secuencias de mtDNA (región control), nDNA (Rag-1), y Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP). Los resultados muestran que no existen diferencias entre las secuencias obtenidas a partir de tórcula y membrana. Con la técnica AFLP, las diferencias (0.99% para *R. atacamensis* y 0.56% para *R. spinulosa*) fueron menores a los errores reportados de réplicas, realizadas a partir de un mismo tipo de muestra. Los resultados revelaron que la utilización de tórculas bucales, resultó ser confiable, de bajo costo y permitiría su aplicación, dado el tipo de marcadores evaluados, en estudios tanto filogenéticos, filogeográficos y de genética de poblaciones sin provocar daño a los especímenes de las especies objeto de estudio.

FONDECYT 1100558, 1110188.

9. IDENTIFICACIÓN, VALIDACIÓN E INTERACCIÓN ENTRE QTLs PARA FENOTIPOS ENOLÓGICOS EN *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* (Identification, validation and interactions between QTLs for oenological traits in *Saccharomyces cerevisiae*).

Salinas F.¹ Cubillos F. A.² Soto D.¹ García V. Ganga A.¹ Louis E. J.², Liti G.² Martínez C.^{1,3}

¹Laboratorio de Biotecnología y Microbiología Aplicada, Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Santiago de Chile (USACH). ²Institute of Genetics, Queen's Medical Centre, University of Nottingham, Nottingham, UK. ³Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología de Alimentos, USACH.

Saccharomyces cerevisiae es la principal especie responsable de la fermentación vínica. En esta levadura los fenotipos de interés enológico son rasgos cuantitativos o rasgos complejos. Con el objetivo de identificar regiones del genoma (QTLs) y genes asociados a fenotipos enológicos, se realizó un análisis de ligamiento entre fenotipos enológicos y marcadores moleculares. Las 288 esporas segregantes provenientes de tres cruces fueron fermentadas por 20 días en mosto sintético, fenotipificadas y genotipificadas. El análisis de ligamiento entre fenotipo y genotipo de las esporas permitió mapear 18 QTLs para diferentes fenotipos enológicos. Con el objetivo de validar los QTLs obtenidos, 18 genes candidatos fueron analizados por reciprocidad hemiciigótica, mutando de forma heterocigota cada gen en la cepa híbrida, lo que permitió validar 6 QTLs. Las interacciones entre QTLs

fueron evaluadas en cepas doble hemiciigóticas, mutando de forma heterocigota dos genes en la cepa híbrida, lo que permitió determinar que los genes *FLX1* y *MDH2* presentan un efecto epistático positivo generando un aumento en la producción de ácido succínico.

FONDECYT 1100509.

10. SEGREGACIÓN GENÉTICA EN DOS ESPECIES DE ALGAS LAMINARIALES (PHAEOPHYCEAE) CON CICLOS DE VIDA COMPLEJOS (Genetic segregation in two species of algae Laminariales (Phaeophyceae) with complex life cycles).

Montecinos, G., Oppliger, L. V., Faugeton, S.

Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Casilla 114-D, Santiago, Chile.

Poco se sabe sobre la herencia genética en Laminariales, en parte, por el complejo ciclo de vida del grupo, el cual, es de tipo haplodiplobióntico con alternancia de generaciones. En la fase predominante macroscópica, el esporofito diploide genera esporas haploides por meiosis, que son liberadas y, luego de asentarse y germinar, dan origen a la fase microscópica heteromórfica, el gametofito haploide. En esta última fase se generan gametos por mitosis, los cuales restablecen la diploidía por fecundación, generando así un nuevo esporofito.

En varias especies de Laminariales este ciclo de vida presenta variantes, donde hay generación de individuos nuevos sin los procesos de meiosis y/o sin fecundación (partenogénesis). Esto genera una incógnita acerca del modo de herencia genética y la repartición de la diversidad genotípica en poblaciones naturales, sobre todo en caso de partenogénesis.

El objetivo de este trabajo es estudiar la segregación genética en dos especies de Laminariales: *Marocystis pyrifera* y *Lessonia nigrescens*, genotipificando individuos parentales y su descendencia esporofítica sexual (por cruzamientos controlados) y asexual, con la ayuda de cinco marcadores microsatélites. Los resultados se discuten en el contexto del manejo de caracteres de interés ecológico y/o comercial.

Agradecimientos: FONDECYT 1090742, CORFO-INNOVA BAL-BIOFUELS.

11. SECUENCIACIÓN DE NOVO Y CARACTERIZACIÓN DEL TRANSCRIPTOMA DE *NANNOCHLOROPSIS SALINA* (De novo sequencing and characterization of *Nannochloropsis salina* transcriptome).

Travisany, D.¹, diGenova, A.¹, Maass, A.¹, Garretón, V.^{2, 3} y Ehrenfeld, N.^{2, 3}

¹ Centro de Modelamiento Matemático, Facultad de Ingeniería, Universidad de Chile.

² Facultad de Biotecnología, Universidad Santo Tomás.

³ AustralBiotech S.A. nicole@australbiotech.cl

Nannochloropsis es una microalga de la familia Eustigmataceae que produce altos niveles de ácidos grasos poliinsaturados, especialmente de ácido eicosapentaenoico (EPA, 20:5(n-3)), lo que la convierte en un modelo biotecnológico interesante, tanto a nivel alimenticio como para la producción de biodiésel.

Para contribuir al conocimiento de *Nannochloropsis salina*, realizamos una secuenciación masiva de sus transcritos en condiciones de alta luz y/o alto CO₂. Utilizando la tecnología de secuenciación Roche-454 se secuenció un pool de cDNA normalizado, obteniendo con esta estrategia una mayor variedad de transcritos. Paralelamente, utilizando Illumina se secuenciaron las librerías de cDNA de cada condición por separado, para así cuantificar el nivel de los transcritos. Las secuencias obtenidas fueron ensambladas en 31246 unigenes, de los cuales 26889 presentaban regiones codificantes (CDS). Estas fueron categorizadas funcionalmente, utilizando BLAST contra distintas bases de datos (NR, PRIAM, KEGG, KOG, TCDB, SWISSPROT e InterPRO-scan), obteniendo ontología de genes (GO) y cluster de ortólogos (KOG), entre otros. Dentro de las funciones identificadas destacan los grupos de modificaciones postraduccionales, procesamiento de RNA, traducción y transporte de metabolitos. En los genes diferencialmente expresados en las condiciones de alto CO₂ y luz, destaca además el grupo de producción y conversión de energía.

Fondecyt 11090234.

Patrocinado por Dr. Jorge Garrido, Universidad Santo Tomás.

12. PERFIL TRANSCRIPTÓMICO DE *PORPHYRA COLUMBINA* (RHODOPHYTA) BAJO ESTRÉS POR DESECACIÓN (Transcriptome profile of *Porphyra columbina* (Rhodophyta) under desiccation stress).

Contreras-Porcía, L.^{1, 2}, Thomas, D.^{1, 2}, Flores-Molina, M. R.³, López-Cristoffanini, C.^{1, 2}, Lovazzano, C.^{1, 2}, Núñez, A.¹, Correa, J. A.², Kube, M.⁴, Reinhardt, R.⁴

¹ Departamento de Ecología y Biodiversidad, UNAB, Santiago-Chile.

² Departamento de Ecología-CASEB, PUC, Santiago-Chile.

³ Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, UACH, Valdivia-Chile.

⁴ Max Planck Institute for Molecular Genetics, Berlin-Alemania. FONDECYT 11085019, FONDAP 1501-0001 P.7, ICA, Marine Genomics Europe.

Porphyra columbina es considerada un modelo de tolerancia a estrés ambiental, dada su capacidad de vivir en zonas altas del intermareal. Un factor asociado a oscilaciones en el nivel de marea y a condiciones climáticas que genera condiciones de estrés es la desecación, que resulta en la reducción del contenido relativo de agua (CRA) intracelular. Con el fin de entender la alta tolerancia a desecación en *P. columbina*, se analizó y caracterizó el perfil de

expresión génica de individuos naturalmente hidratados o con máxima deshidratación (4% CRA). Para esto, se confeccionaron dos librerías de substracción de cDNA, una enriquecida con transcritos diferencialmente expresados en hidratación y otra bajo máxima deshidratación. Los fragmentos de cDNA en ambas librerías fueron secuenciados por 454-pirosecuenciación y, mediante análisis bioinformático, se caracterizaron los genes/proteínas expresados en cada condición experimental. Los resultados muestran que en condiciones de desecación se activan genes/proteínas que participan en distintas categorías funcionales: metabolismo activo de la pared celular, homeostasis redox, regulación/expresión génica, degradación proteica, chaperonas de estrés, transportadores de azúcar, entre otras. Por otra parte, genes/proteínas que forman parte del sistema fotosintético, de respiración y síntesis proteica son activamente expresados solo en condición de hidratación normal. Esto demuestra una respuesta coordinada al estrés por desecación en *P. columbina*, que ayuda claramente a entender su ocurrencia en el intermareal alto.

13. ESTUDIOS GENÉTICOS PRELIMINARES DEL RECURSO CAMARÓN DE ROCA (*RHYNCHOCINETES TYPUS*, H. MILNE EDWARDS 1837) Preliminary Genetic Studies of Resource rock shrimp (*Rhynchocinetes typus*, H. Milne Edwards 1837).

Oñate, C.^{1, 2}, Galleguillos, R.², Ferrada, S.², Canales-Aguirre, C. B.² y C. Araneda¹.

¹ Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile.

² Laboratorio de Genética y Acuicultura, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. conate@uchile.cl

La creciente demanda mundial de productos pesqueros y el estancamiento de la pesca extractiva, ha llevado a la acuicultura a la búsqueda de nuevas especies para ser cultivadas. Actualmente, se potencia al Camarón de Roca como recurso cultivable en la Región del Biobío. La presente investigación genera información base para desarrollar su cultivo, estableciendo parámetros de diversidad genética de sus poblaciones naturales y determinando su grado de estructuración genética. Para ello se utilizaron marcadores moleculares tipo RAPD (*Random Amplified Polimorphic DNA*) y el gen mitocondrial de la *Citocromo Oxidasa subunidad I* (COI).

Las zonas de muestreadas fueron Guayacán, Zapallar y Chome, de las cuales 170 individuos fueron genotipados con 5 primer RAPD identificándose 34 fragmentos polimórficos. En cuanto a COI se analizaron 54 secuencias que contienen 18 haplotipos. Ambos marcadores presentan valores bajos de diversidad genética. El estadístico *Fst* indica diferencias genéticas no significativas entre las localidades estudiadas, las correlaciones de distancias genéticas con las geográficas mediante pruebas de Mantel resultaron ser bajas 0,32 (RAPD) y 0,62(COI). En el análisis network usando la aproximación Median Joining, se observa una forma de estrella, patrón consistente con una expansión poblacional geográfica reciente.

14. VARIACIÓN GENÉTICA EN MICROSATÉLITES DEL PIOJO DE MAR CHILENO *CALIGUS ROGERCRESSEYI* BOXSHALL & BRAVO, 2000 (Microsatellite genetic variation in the Chilean sea louse, *Caligus rogercresseyi* Boxshall & Bravo, 2000).

Ferrada, S.^{1,3}, Cristian B. Canales-Aguirre^{1,3} R. Galleguillos¹ & J. A. Gallardo².

¹ Departamento de Oceanografía, Universidad de Concepción.

² Laboratorio de Genética Aplicada. Escuela de Ciencias del Mar. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

³ Doctorado en Sistemática y Biodiversidad, Departamento de Zoología, Universidad de Concepción, Chile. sferrada@udec.cl

C. rogercresseyi es uno de los copépodos ectoparásitos marinos que mayor impacto ha causado en centros de cultivo de salmónidos, con costos económicos de hasta 0.19 € por kilogramo de salmón producido. Aspectos de su biología básica han sido descritos, no existiendo estudios respecto a la diversidad y conectividad genética en su distribución.

Los patrones de diversidad genética de *C. rogercresseyi* fueron caracterizados utilizando cuatro loci microsatélites, y segmentos del ADN mitocondrial de la citocromo oxidasa I y subunidad ribosomal 16S, desde ejemplares provenientes de centros de cultivo de *S. salar* en el sur de Chile. Los resultados indican una baja diferenciación genética no significativa tanto para microsatélites ($F_{st} = -0.01$; $R_{st} = -0.04$), como para ADN mitocondrial ($F_{st} (COI) = -0.001$; $F_{st} (16S) = -0.027$), entre las localidades analizadas. No hay evidencia de diferenciación genética correlacionada con distancia geográfica ($r = 0.293$; $p > 0.05$), siendo consistente los resultados con un modelo poblacional en el cual *C. rogercresseyi* en el sur de Chile conforma una agrupación reproductiva.

Agradecimientos: Proyecto CORFO 07CN13PBT-61, AQUAINNOVO e INTESAL.

15. ESTUDIO FILOGEOGRÁFICO DE *CERATITIS CAPITATA* (WIEDEMANN, 1824): VARIACIÓN MOLECULAR DE MUESTRAS CAPTURADOS EN CHILE Y SU INTERPRETACIÓN DENTRO DE UN CONTEXTO BIOGEOGRÁFICO (Phylogeographic studies of *Ceratitis capitata* (Wiedemann, 1824): Molecular variation of specimens captured in Chile and its interpretation in a biogeographic context).

Riquelme, B., Saldarriaga, M. y Obrequé, V.

Centro de Biotecnología. Facultad de Ciencias. Universidad Iberoamericana de Ciencias y Tecnología. Santiago, Chile. Proyecto SAG C5961412.

La mosca mediterránea de la fruta, *Ceratitis capitata* (Wiedemann, 1824) (Díptera: Tephritidae), es un insecto multivoltino y polífago de una gran variedad de frutos hospederos. Su éxito a la hora de colonizar e infestar una determinada región, se debe principalmente a su capacidad de adaptación a una amplia gama de ambientes y su potencial reproductivo. Chile se mantiene declarado libre de la mosca mediterránea de la fruta desde el año 1995, detectándose introducciones esporádicas de *C. capitata* en distintas localidades del norte y centro del país, siendo erradicadas oportunamente por el Servicio Agrícola y Ganadero. En este trabajo se identificaron marcadores moleculares mitocondriales informativos respecto de las relaciones filogeográficas de *C. capitata*, encontrándose que fragmentos parciales de 757 pb del gen *Cytb* y 510 pb del gen *ND4*, permiten establecer estructura genética existente dentro de la especie *C.*

capitata a lo largo de su distribución geográfica. En este sentido, la filogenia molecular y las redes de haplotipos muestran haplotipos compartidos entre Chile y países de África, Europa, América Central y América del Sur.

16. PLASTICIDAD TRANSCRIPCIONAL, VARIACIÓN INTERCLONAL Y ESPECIALIZACIÓN TRÓFICA EN *MYZUS PERSICAE* (Transcriptional plasticity, interclonal variation and trophic specialization in *Myzus persicae*).

Cabrera-Brandt, M. A.¹, Silva, H.² y Figueroa, C. C.¹

¹ Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución, UACH.

² Departamento de Producción Agrícola, Facultad de Ciencias Agronómicas, UChile

Email: christianfigueroa@uach.cl

La plasticidad transcripcional diferencial sería uno de los mecanismos moleculares que habrían dado cuenta de la evolución de insectos especialistas a partir de generalistas tróficos.

Myzus persicae (Sulzer) (Hemiptera: Aphididae) es un áfido generalista que ha desarrollado fenotipos especializados sobre plantas altamente defendidas como tabaco (*Nicotiana tabacum* L.). Diferencias interclonales en la plasticidad transcripcional en respuesta a la presencia/ausencia de defensas vegetales fueron estudiadas en cuatro linajes clonales del áfido *M. persicae* con diferentes grados de especialización trófica, evaluándose, además, su desempeño biológico sobre plantas con y sin defensas. Todos los áfidos fueron colectados desde familias vegetales diferentes. Se cuantificó la expresión de genes codificantes para proteínas putativamente involucradas en tolerancia/resistencia de los áfidos a las defensas vegetales (enzimas de detoxificación, antiproteasas y enzimas salivales).

Los resultados muestran una mayor plasticidad transcripcional en áfidos con un mejor desempeño biológico sobre plantas defendidas, específicamente en genes relacionados con el metabolismo de aleloquímicos.

Con lo anterior, se establecieron relaciones genómico-funcionales, ecológicas y evolutivas entre el áfido y sus plantas hospederas, concluyendo que la capacidad de ciertos áfidos para alimentarse sobre plantas defendidas estaría mediada por variaciones interclonales en la plasticidad transcripcional, lo que jugaría un rol importante en la especialización trófica.

Agradecimientos: Fondecyt1090378, Conicyt.

MICROBIOLOGÍA

17. CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS METICILINO-RESISTENTES EN UN HOSPITAL DE CHILE (Molecular Characterization of Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* in a Chilean Hospital).

Medina, G.¹, Egea, A. L.², Otth, C.¹, Otth, L.¹, Fernández, H.¹, Bocco J. L.², Sola C.², Wilson, M.¹

¹ Instituto Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile.

² Departamento Bioquímica Clínica, FCQ, Universidad Nacional de Córdoba, CIBICI-CONICET-ARGENTINA. DID S-2010-2 UACH.

Staphylococcus aureus meticilino-resistente (SAMR) es un importante patógeno a nivel intrahospitalario. Su distribución poblacional se caracteriza por la diseminación de pocos clones pandémicos en amplias áreas geográficas. En Chile y Argentina se ha identificado la presencia del clon epidémico Cordobés/Chileno, el que actualmente se ha diseminando en Latinoamérica. Con el fin de evaluar la epidemiología molecular de las infecciones nosocomiales ocasionadas por este microorganismo en el Hospital Clínico Regional Valdivia-Chile (524 camas) se analizó un total de 101 aislamientos clínicos de SAMR (período junio-2007/junio-2008) mediante antibiograma, tipo de SCC*mec* y presencia de los genes codificantes de Pantón Valentine leukocidin (PVL). Todos los aislamientos fueron PVL negativos. Mediante PFGE, *spa*-typing y MLST se analizó una muestra representativa de cada antibiograma (n: 29), donde el 89% de los aislamientos pertenecieron al Clon Cordobés/Chileno (pulsotipo A-ST5-I-149) siendo resistentes a clindamicina, eritromicina, gentamicina y ciprofloxacino. El 11% de los aislados restantes pertenecieron a tres background genéticos diferentes asociados al SCC*mec* IV (MM1-ST5-IVNT, I33-ST5-IVc, UU1-ST8-IVc) con un fenotipo multisensible. Estos resultados indican el predominio del Clon Cordobés/Chileno a nivel hospitalario y la presencia de aislados multisensibles relacionados a clones de SAMR de origen comunitario.

18. PAPEL DE LAS RUTAS CATABÓLICAS DE CUPRIAVIDUS PINATUBONENSIS JMP134 EN EL CATABOLISMO DE EXUDADOS Y COLONIZACIÓN DE ARABIDOPSIS THALIANA (The catabolic pathways of *Cupriavidus pinatubonensis* JMP134 plays a role in *Arabidopsis thaliana* root exudates catabolism and plant colonization).

Dasencich, P. & González, B.

Facultad de Ingeniería y Ciencias. Universidad Adolfo Ibáñez. Núcleo Milenio de Genómica Funcional de plantas. CASEB. Pontificia Universidad Católica de Chile.

Las plantas pueden ser densamente colonizadas por bacterias de suelo. Algunas bacterias pueden utilizar compuestos aromáticos presentes en los exudados de plantas como fuente de carbono y energía. *Cupriavidus pinatubonensis* JMP134 es capaz de degradar diversos compuestos fenólicos tales como cinamato, salicilato o benzoato. Se ha propuesto que dichas habilidades podrían ser relevantes en la colonización de plantas en otros modelos bacterianos.

Este trabajo se centra en funciones catabólicas involucradas en la degradación de compuestos aromáticos, utilizando *Arabidopsis thaliana* - *C. pinatubonensis* JMP134 como sistema modelo planta-

bacteria. Se estudió la colonización rizosférica y crecimiento de la bacteria en exudados como única fuente de carbono. Estos parámetros se analizaron en cepas mutantes de diversas rutas catabólicas: (β -cetoacilato, gentisato y la variante JMP222). Se observó que estas cepas presentan una menor capacidad de colonización, en comparación con la cepa silvestre, y menor crecimiento en los exudados de raíz de *A. thaliana*. Estos resultados indican que funciones del catabolismo de compuestos aromáticos son importantes para la colonización eficiente de *A. thaliana*, incluyendo el uso de componentes de sus exudados de raíz.

Agradecimiento: FONDECYT 1110850 y NM-PFG P06/009-F.

19. SÍNTESIS Y DEGRADACIÓN DE LA FITOHORMONA ÁCIDO INDOL-3-ACÉTICO EN BURKHOLDERIA PHYTOFIRMANS PSJN, UNA β -PROTEOBACTERIA PROMOTORA DE CRECIMIENTO DE PLANTAS (Synthesis and degradation of the phytohormone indole-3-acetic acid in *Burkholderia phytofirmans* PsJN, a plant growth-promoting β -proteobacterium).

Donoso, R.^{1,2}, González, B.^{1,2}

¹ Laboratorio de Bioingeniería. Facultad de Ingeniería y Ciencias. Universidad Adolfo Ibáñez.

² Núcleo Milenio de Genómica Funcional de Plantas. CASEB. Pontificia Universidad Católica de Chile.

Se sabe que la fitohormona ácido indol-3-acético (AIA) juega un papel esencial en el crecimiento y desarrollo de las plantas. No solamente las plantas son capaces de sintetizar AIA, ya que muchas bacterias asociadas a estas son capaces de producirla.

Se conocen diversas estrategias de biosíntesis de AIA en bacterias, describiéndose como su principal precursor el aminoácido triptófano. Por otro lado, se ha observado la capacidad de degradar AIA en bacterias, describiéndose una agrupación génica relacionada con esta habilidad, aunque la función y regulación de estos genes es desconocida.

La β -proteobacteria *Burkholderia phytofirmans* PsJN, capaz de establecer interacciones beneficiosas con plantas, posee rutas putativas de biosíntesis, además de una ruta de degradación de AIA. En este trabajo se evaluó la funcionalidad de ambas vías metabólicas. Se observó que la cepa posee la capacidad de sintetizar AIA en presencia de triptófano, y es capaz de utilizarla como única fuente de carbono y energía. Estos resultados, además, sugieren que existen mecanismos regulatorios complejos que permitirían manejar los dos procesos simultáneamente, dependiendo de las necesidades de la bacteria.

Agradecimientos: FONDECYT 1110850, NM-PFG P06-009F.

20. EXPRESIÓN DE UN SEGMENTO DEL GEN *TBPB* DE *NEISSERIA MENINGITIDIS* EN CEPAS VACUNAS ORALES PARA OPTIMIZACIÓN DE SU USO COMO ANTÍGENO (Expression of a *Neisseria meningitidis* *tbpB* gene segment in oral live vaccine strains for improving its use as an antigen).

Touma, J.; Bruce, E.; Melo, F.; Yarur, H.; Venegas A.

Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Biotecnología de Vacunas. Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago.

Neisseria meningitidis es uno de los principales agentes causantes de la meningitis, específicamente, el grupo B en Chile. Esta enfermedad afecta seriamente a infantes dejándoles secuelas. Estudios previos mostraron que TbpB (proteína de unión a transferrina) genera anticuerpos bactericidas en ratones vacunados oralmente. Por su gran tamaño (86 kDa), se dificulta la obtención de buenos niveles de expresión. Para optimizar esta vacuna se dispuso el uso de un segmento del gen, que codifica la región N-terminal, que contiene residuos involucrados en la unión a transferrina humana. Este segmento fue modificado incluyendo un tag de hexa-histidina, ligado al vector pET21a y transferido a dos cepas atenuadas *Salmonella*, *S. typhimurium* χ 4550 y *S. enteritidis* Δ pncB. Se demostró que este segmento, al igual que la proteína completa, se destina a membrana externa, de modo que la presentación del antígeno refleja un anclaje y exposición similar al que ocurre naturalmente en *Neisseria*, aspecto importante para la acción de anticuerpos bactericidas inducidos en los vacunados. Esto permitirá posteriormente comparar la eficacia de ambas cepas como vacunas en un modelo murino.

21. EXPRESIÓN HETERÓLOGA DE QUIMERAS ENTRE FLAGELINA DE *SALMONELLA* Y ANTÍGENOS DE *HELICOBACTER PYLORI* EN *LACTOBACILLUS* (Heterologous expression of chimaeras between *Salmonella* Flagellin and *H. pylori* antigens in *Lactobacillus*).

Olmos-Mejías M.¹; Roco, J.¹; Hernández, C.¹; Henríquez, C.¹; García, A.²; Venegas, A.¹.

¹ Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Vacunas, Depto. Genética Molecular y Microbiología, FCCBB, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago.

² Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción.

Los probióticos, aplicados en dosis adecuadas, otorgan beneficios a su hospedero, como modulación de la respuesta inmune y protección ante patógenos. Se ha planteado utilizar probióticos como vectores de entrega de biomoléculas o como vacunas, mediante la expresión heteróloga de antígenos. Gran número de probióticos se ha aislado del tracto gastrointestinal, nicho donde su efecto ha sido más estudiado. Entre patologías humanas, son de importancia mundial gastritis crónica, úlceras y cáncer gástrico, que han sido relacionadas con la presencia de *H. pylori*, que afecta al 73% de la población chilena. Este patógeno evade la respuesta inmune, en parte gracias a sus PAMPs de poca inmunogenicidad. Para modificar esta situación adversa en este trabajo se construyó una vacuna oral viva, consistente en un *Lactobacillus* que expresa bajo un promotor constitutivo, el PAMP FliC de *Salmonella*, fusionado traduccionalmente al extremo N-terminal de HP0231, un antígeno de *H. pylori*. Con esta construcción se vacunó y desafió ratones observándose disminución de la colonización en los vacunados y desafiados, respecto al control.

Financiamiento: FONDECYT 1085232, FONDEF DO3I-1105 y BMRC CTU-06 Área 5

22. EXPRESIÓN DEL ANTÍGENO HP0231 DE *HELICOBACTER PYLORI* Y FUSIONES TRADUCCIONALES EN *LACTOCOCCUS LACTIS* NZ9000 PARA DESARROLLAR UN PROTOTIPO DE VACUNA ORAL (Expression of *Helicobacter pylori* HP0231 antigen and translational fusions in *Lactococcus lactis* NZ9000 for developing an oral vaccine prototype).

Hernández, C.; Henríquez, C.; Olmos-Mejías, M.; Venegas, A.

Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Biotecnología de Vacunas, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago.

Helicobacter pylori es una bacteria Gram negativo, eficiente colonizadora de la mucosa gástrica, produciendo desde gastritis a cáncer gástrico. Más del 50% de la población mundial está infectada con este patógeno. Debido a esto y la ineffectividad de la terapia, por abandono de los antibióticos en algunos casos, cepas resistentes y reinfección en otros, es razonable generar una vacuna como alternativa. Los probióticos tienen características beneficiosas para el sistema gastrointestinal y por ello se propone su utilización como vacuna oral. Específicamente, se está evaluando la cepa *Lactococcus lactis* NZ9000, transformada con el plásmido pSEC, inducible por nisina, que transporta el antígeno de *Helicobacter pylori* HP0231 y las fusiones traduccionales de este antígeno con la proteína OmpA, de *Klebsiella pneumoniae* o flagelina FliC de *Salmonella typhimurium*.

La expresión de ambas construcciones híbridas dura hasta 72 horas postinducción *in vitro*, lo cual sería favorable para la inducción del sistema inmune mediante vacunación. Se comprobó en esplenocitos cultivados *in vitro* que la inducción de algunas citoquinas proinflamatorias se vio favorecida al estar este antígeno asociado a un PAMP.

Financiamiento: FONDECYT1085232, BMRC CTU-06 Área 5.

23. APLICACIÓN DE LA MCC E492 EN LA CONSTRUCCIÓN Y SÍNTESIS DE PÉPTIDOS CON POSIBLE ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA (Construction and synthesis of peptides with possible antimicrobial activity based on MccE492).

Poch, A., Villanelo, F., Lagos, R., Monasterio, O.
Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Las microcinas (Mcc) son péptidos hidrófobos de bajo peso molecular, con potente actividad bactericida, altamente estables frente a temperaturas y pH extremos. Una de las microcinas mejor caracterizada es la MccE492 de *Klebsiella pneumoniae*, que tiene la cualidad de ser modular, pues contiene 3 regiones bien definidas para su función: una pequeña región N-terminal como señal de exportación, una región central estructural responsable de la toxicidad y una región C-terminal que sufre una modificación postraduccional por la adición de una molécula tipo salmoquelina. Esta modificación permite que la MccE492 interactúe con las células blanco y sea reconocida por los receptores sideróforos (FepA, Cir y Fiu) de las enterobacterias blanco.

Debido a la modularidad del gen de la MccE492 (*mceA*), es posible reemplazar la región central del gen que codifica para la toxina microcina por secuencias que codifican otros péptidos y mantener las cualidades de exportación e importación en la célula blanco de la microcina.

En este trabajo, evaluamos la actividad antimicrobiana de un péptido quimérico construido a partir de la fusión de la región N-terminal y C-terminal de la MccE492 con la región periplásmica de FtsL, proteína esencial de la división bacteriana. El péptido de fusión, NLC, permanece en el interior de la célula productora y contiene la modificación postraduccional. Por esta razón, el péptido purificado posee los requisitos para inhibir la división celular en cepas sensibles de *Escherichia coli*.

FONDECYT 1095121.

GENÉTICA

24. ANÁLISIS COMPARATIVO DE LAS SECUENCIAS CODIFICANTES DEL GEN BRCA1 DE HOMO SAPIENS Y CANIS FAMILIARIS (Comparative analysis of BRCA1 coding sequence gene of *Homo sapiens* and *Canis familiaris*).

Baeza, N., y Obreque, V.
Centro de Biotecnología, Facultad de Ciencias, Universidad Iberoamericana de Ciencias y Tecnología, Santiago, Chile.

En este trabajo se presentan los resultados preliminares del estudio comparativo a nivel de secuencia de regiones codificantes correspondientes al gen *BRCA1* de *Homo sapiens* y su similar en *Canis familiaris*. Para ello se seleccionó la secuencia genómica del gen *BRCA1* (AY273801) de *H. sapiens* y la secuencia de cDNA de *C. familiaris* (NM_001013416) disponibles en GenBank. Estas secuencias fueron alineadas y editadas con el fin de diseñar partidores para amplificar regiones conservadas en ambos genes. Tres pares de partidores permitieron amplificar en *C. familiaris* tres productos de PCR de 410 pb, 470 pb y 610 pb respectivamente. Estos productos se secuenciaron, editaron y alinearon con la base de datos del GenBank, corroborándose que los productos de PCR amplificados correspondían a regiones del gen *BRCA1*. El análisis bioinformático con base en las secuencias de los fragmentos obtenidos, permitió la traducción a proteína de cada secuencia, encontrándose una correspondencia con el exón 11 de *Homo sapiens* en dos de las tres secuencias analizadas.

25. ASOCIACIÓN DE LAS VARIANTES *BARD1-CYS557SER* Y *XRCC3-THR241MET* CON CÁNCER DE MAMA FAMILIAR EN POBLACIÓN CHILENA (Association of *BARD1-Cys557Ser* and *XRCC3-Thr241Met* variants with familial breast cancer in Chilean population).

Jara, L.¹, González-Hormazábal P.¹, Dubois K.¹, Carrera I.¹, Pakomio J.¹, Reyes J. M.², Bravo T.³, Blanco R.¹, Peralta O.^{2,4}, Gómez F.⁵, Waugh E.⁵, Margarit S.⁶, Ibáñez G.^{7,8}, ljara@med.uchile.cl

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

² Clínica Las Condes.

³ CONAC.

⁴ Departamento de Ginecología y Obstetricia, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

⁵ Clínica Santa María.

⁶ Facultad de Medicina-Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo.

⁷ Clínica Dávila.

⁸ Hospital San José.

Los genes *BARD1* y *XRCC3* codifican para proteínas que participan en la reparación del DNA. Las variantes *BARD1-Cys557Ser* (rs28997576) y *XRCC3-Thr241Met* (rs861539) se han propuesto como alelos de susceptibilidad para cáncer de mama (CM). Se realizó genotipificación de estos polimorfismos mediante TaqMan en 309 casos de CM *BRCA1/2* negativos y en 510 controles. Ambas variantes se asocian con aumento del riesgo para CM en mujeres con CM familiar (*BARD1-Cys557Ser*: OR=3,7 [IC95% 1,1-12,4], p=0,03; *XRCC3-Thr241Met*: OR=2,8 [IC95% 1,1-6,9], p=0,03). El análisis de regresión logística mostró que las mujeres con CM familiar portadoras de ambas variantes presentan un aumento del riesgo de CM de 4,8 veces (OR=4.83 [1.31 - 17.8], p=0,02). Los resultados sugieren que *BARD1-Cys557Ser* y *XRCC3-Thr241Met* aumentan el riesgo de CM familiar y se postula interacción entre estos genes.

Financiamiento: FONDECYT 1110081, CONAC

26. ASOCIACIÓN DE ALELOS DE BAJA PENETRANCIA EN LOS GENES *FGFR2* Y *MAP3K1* CON CÁNCER DE MAMA EN POBLACIÓN CHILENA (Association of alleles of low-penetrance genes *FGFR2* and *MAP3K1* with breast cancer in Chilean population).

Cerceno, K.¹, González-Hormazábal P.¹, Reyes J. M.², Bravo T.³, Blanco R.¹, Peralta O.^{2,4}, Gómez F.⁵, Waugh E.⁵, Margarit S.⁶, Ibáñez G.^{7,8}, Jara L.¹, ljara@med.uchile.cl

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

² Clínica Las Condes.

³ CONAC.

⁴ Departamento de Ginecología y Obstetricia, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

⁵ Clínica Santa María.

⁶ Facultad de Medicina-Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo.

⁷ Clínica Dávila.

⁸ Hospital San José.

Recientemente los estudios de análisis de genoma completo (GWAS) han identificado *loci* de baja penetrancia asociados con aumento de riesgo para cáncer de mama (CM). Se realizó genotipificación de los SNPs rs2420946(C>T), rs2981582(G>A), y rs1219648(A>G) de *FGFR2*, y rs889312(A>C) de *MAP3K1* utilizando TaqMan, en 246 casos con CM *BRCA1/2* negativos y en 390 controles. Los homocigotos para el alelo de menor frecuencia

de los cuatro SNPs se asociaron con un aumento del riesgo de CM (rs2420946 OR=2,2 [IC95% 1,4-3,6]; rs2981582 OR=2,1 [IC95% 1,3-3,3]; rs1219648 OR=1,9 [IC95% 1,2- 3,1]; rs889312 OR=2,3 [IC95% 1,4-3,6]). Se estudió interacción entre los SNPs de *FGFR2* y de *MAP3K1* mediante análisis de regresión logística. El análisis de los genotipos compuestos mostró que los individuos homocigotos para el alelo normal de *FGFR2* y homocigotos para el alelo de menor frecuencia de rs889312 (*MAP3K1*) presentan un aumento de riesgo para CM de 3,5 veces. Los individuos homocigotos para un alelo de riesgo de cualquiera de los SNPs de *FGFR2* analizados y además homocigotos para el alelo normal de rs889312 (*MAP3K1*) presentan un aumento de riesgo para CM de 2,7 veces. Más aún, los individuos doble homocigotos para los alelos de menor frecuencia de ambos SNPs presentan un aumento del riesgo para CM de 6,0 veces. Los resultados obtenidos permiten postular interacción entre los SNPs analizados de *FGFR2* y *MAP3K1*. Los genes *FGFR2* y *MAP3K1* participan en la misma vía de transducción de señales, la cual es importante en la expresión de varios genes involucrados en tumorigénesis.

Financiamiento: FONDECYT 1110081, CONAC.

27. ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DEL GEN *VACA* DE *HELICOBACTER PYLORI* EN CASOS DE CÁNCER GÁSTRICO (Analysis of *Helicobacter pylori vacA* gene polymorphisms in gastric cancer cases).

González-Hormazábal, P.¹; Chiong H.^{2,3}; Hermansen C.²; Berger Z.⁴; Rojas J.⁵; Musleh M.⁵; Jara L.¹, pgonzalez@med.uchile.cl

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

² Departamento de Cirugía Sur, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

³ Servicio de Cirugía, Complejo Asistencial Barros Luco.

⁴ Servicio de Gastroenterología, Hospital Clínico de la Universidad de Chile.

⁵ Departamento de Cirugía, Hospital Clínico de la Universidad de Chile.

La infección por *Helicobacter pylori* es considerada como un carcinógeno. La capacidad de esta bacteria de gatillar el proceso de carcinogénesis gástrica está asociada a ciertos factores de virulencia, los cuales están determinados genéticamente. Uno de ellos es la citotoxina vacuolizante, codificada por el gen *vacA*. Este gen es polimórfico, y es posible reconocer diferentes cepas: s1m1, que son altamente toxigénicas; s2m2, no toxigénicas; y s1m2 que poseen toxicidad intermedia. La infección con cepas s1m1 se ha asociado con cáncer gástrico. En el presente estudio, se obtuvo biopsias de mucosa gástrica de 15 casos de cáncer gástrico desde las cuales se extrajo DNA, y se analizó los polimorfismos del gen *vacA* mediante PCR. La distribución de las cepas encontradas fue la siguiente: s1m1: 4/15 (26,7%); s1m2: 5/15 (33,3%); s2m2: 2/15 (13,3%); s1s2m2: 2/15 (13,3%); s1s2m1: 2/15 (13,3%). La proporción de pacientes infectados con cepas s1m1 y s1m2 fue mayor a la reportada en otros estudios realizados en Chile en pacientes asintomáticos. Este resultado permite proponer que las cepas s1m1 y s1m2 de *H. pylori* están presentes en mayor proporción en pacientes con cáncer gástrico en Chile.

Financiamiento: VID U_INICIA 11/03, Fondecyt 11110199.

28. ANÁLISIS DE VARIANTES GENÉTICAS DE CYP3A4, CYP1A1 Y GST EN PACIENTES CON CÁNCER TESTICULAR (Analyses of genetic variants of CYP3A4, CYP1A1 and GST in patients with testicular cancer).

Godoy, B.¹; Kovacic, M.¹; Roco, A.²; Squicciarini, V.²; Santander, P.²; García, E.³; Agúndez, J. A.³; Cáceres, D.²; Peña, K.⁵; Berríos, M.⁴; Ahumada, M.⁴; Sandoval, C.⁵; Saavedra I.²; Quiñones, L.².

¹ USTO.

² Centro de Investigaciones Farmacológicas y Toxicológicas (IFT). ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

³ Grupo Farmacogenómica, Unidad de Extremadura, Badajoz-España.

⁴ HCUCH, 5: HSJD aroco@ift.cl

El cáncer testicular (CaT) es la forma más común de cáncer en hombres entre los 15 y 34 años de edad. Los polimorfismos genéticos de las enzimas de biotransformación de fase 1 y fase 2 han sido postulados como biomarcadores de susceptibilidad a diversos tipos de cáncer, entre ellos de CaT. El objetivo del presente trabajo fue estudiar la presencia de las variantes genéticas de las enzimas CYP1A1, GST-M1 y CYP3A4 en pacientes con Cáncer testicular. **Metodología:** El DNA fue obtenido de pacientes con Cáncer testicular histológicamente determinado. El análisis genotípico de las enzimas se realizó por PCR-RFLP. **Resultados:** El estudio genotípico de CYP1A1 y GST-M1 de 98 pacientes con cáncer testicular demostró que la presencia del polimorfismo m2 y la delección homocigota de GST-M1 (null) aumenta el riesgo individual de desarrollar cáncer testicular (m1m2 OR= 1,92, m2m2 OR= 2,40, GST-M1(-) OR= 1,34). La presencia del ambos genotipos, m2m2/GST-M1(-) demuestra un riesgo estimado considerablemente más alto de desarrollar cáncer testicular (OR 7,05). No se encontró diferencias estadísticamente significativas para el polimorfismo CYP3A4*1B entre el grupo control y los pacientes con Cáncer Testicular. **Conclusiones:** Los polimorfismos GST-M1 (null) y CYP1A1 (m2) son potenciales biomarcadores de riesgo en cáncer testicular.

29. LA MUTACIÓN C.194 A>C (Q65P) EN EL GEN LMX1B EN PACIENTES CON SÍNDROME DE NAIL PATELLA PREDICE EL DESARROLLO TEMPRANO DE GLAUCOMA (The c.194 A>C (Q65P) mutation in the LMX1B gene in NPS patients predicts early onset of glaucoma).

Herrera, L.¹, Romero P.^{2,3}, Sanhueza F.⁴

¹ Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad Medicina, Universidad de Chile; email: lherrera@med.uchile.cl

² Departamento de Oftalmología, Hospital Clínico José Joaquín Aguirre, Universidad de Chile.

³ Servicio de Oftalmología, Hospital del Salvador.

⁴ Servicio de Urgencia, Clínica Río Blanco, Los Andes.

El Síndrome de Nail Patella (NPS, OMIM 161200), es una enfermedad infrecuente (1/50000 recién nacidos vivos), pleiotrópica, autosómica dominante caracterizada por displasia en uñas, aplasia o hipoplasia, glomerulopatía y glaucoma. Estudiamos algunas características clínicas y genéticas de cinco individuos afectados y dos no afectados de una familia chilena con NPS.

Las alteraciones ortopédicas/radiológicas fueron compatibles con NPS. El grosor de la capa de fibras retinales fue medido con el OCT de dominio espectral. Los valores observados fueron bajo el rango normal en tres de los afectados. Tres pacientes presentaban grados variables de Glaucoma Primario de Angulo Abierto (GPAA) y uno hipertensión ocular (HTO). Mediante secuenciación

se identificó una mutación heterocigota de sentido erróneo en el exón 2 del gen *LMX1B*. Cambio de Glutamina por prolina en el codón 65 (Q65P).

Esta mutación solo había sido descrita previamente en una familia del sudeste australiano. Aunque el fenotipo es variable dentro de la familia analizada, la mutación es altamente predictiva ya sea HTO, GPAA y de su aparición temprana.

30. EVALUACIÓN CLÍNICA Y MOLECULAR DE SHOX/PAR1 EN SUJETOS CHILENOS CON DISCONDROSTEOSIS LERI-WEILL: RESULTADOS PRELIMINARES.

Mellado, C., Ávalos, C. Martínez Aguayo A., Lagos M., Poggi, H. Vera, A. Aracena M., Cattani A., García H., Silva R., Godoy C., Reyes L.

División de Pediatría. Laboratorio de Biología Molecular y Citogenética, Servicio de Laboratorios Clínicos. Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Introducción: El Síndrome de Léri-Weill (LWD) se caracteriza principalmente por talla baja desproporcionada y malformación de Madelung. Mutaciones en gen *SHOX*, se detectan en 60 - 90% de los afectados. Objetivo: Investigar alteraciones moleculares en región del *SHOX* y su expresión clínica en pacientes con LWD. Métodos: Estudio descriptivo que evaluó 9 sujetos no consanguíneos con diagnóstico clínico-radiológico de LWD. Se analizaron número de copias del *SHOX* por "Multiplex ligation-dependent probe amplification" (MLPA), y posteriormente análisis de mutaciones puntuales por secuenciación de regiones codificantes del gen en aquellos sujetos que no presentaron alteración del número de copias. Resultados: Fueron evaluados 9 sujetos entre 8 - 42 años, 5 de sexo femenino. El promedio de talla fue -2,04 DE (-3,54 a -0,91); relación segmento superior (SS) /inferior (SI) 1,12 (0,9 a 1,4); relación olecranon-radio/acromion-olecranon 0,75 (0,72 a 0,8); y relación envergadura/talla 0,98 (0,86 a 1,0). Se identificó defecto molecular en 6/9 sujetos: 5 delecciones completas del gen *SHOX* (Exon 1-6) incluyendo región promotora, en 3 de estos además se comprometieron zonas reguladoras río abajo. Un paciente tuvo delección parcial del *SHOX* (Exon 1-2). No se observó diferencias fenotípicas entre los individuos con distintas mutaciones. Las secuenciaciones en los individuos sin delección resultaron negativas. Conclusiones: Se identificaron mutaciones en la mayoría de los afectados. La más frecuente fue delección del gen completo incluyendo la región promotora y zonas reguladoras. Todos los afectados mostraron delección de región promotora y ninguno compromiso exclusivo de zonas reguladoras. No hubo diferencias fenotípicas entre distintos genotipos.

31. IMPLEMENTACIÓN DE TEST DIAGNÓSTICO GENÉTICO PARA LA HIPOLACTASIA DEL ADULTO (Development of a genetic diagnostic test for adult hypolactasia).

Vial, C.¹, Rollán, A.², Quezada, S.², Hatton, M.¹, Puga, A.¹, Espinoza, K.¹, Repetto, G.¹

¹ Facultad de Medicina Clínica Alemana-Universidad del Desarrollo.

² Clínica Alemana Santiago.

La intolerancia a la lactosa del adulto se debe a la disminución o ausencia de la enzima lactasa en las vellosidades intestinales, produciendo como consecuencia una mala degradación y absorción de la lactosa. El diagnóstico tradicional, consiste en el uso del test de hidrógeno espirado postcarga de lactosa y/o la biopsia con demostración de reducción de lactasa.

Estudios en poblaciones ganaderas de diferentes orígenes, como las del norte de Europa o africanas, han identificado variantes genéticas que se asocian con la tolerancia a la lactosa, fenotipo que es muy frecuente en este tipo de poblaciones. Estas variantes han sido utilizadas para el diagnóstico de la hipolactasia, sin la necesidad de las molestias asociadas a los tests tradicionales.

En este estudio se evaluaron 3 variantes (polimorfismos C/T_13910 de origen africano, G/A_22018 y C/G_13907 originarias del norte de Europa) en 58 pacientes adultos que consultaron por síntomas sugerentes de hipolactasia en la Clínica Alemana de Santiago. Se analizaron estas variantes por PCR-RFLP y se comparó su desempeño con los tests tradicionales de diagnóstico. Obtuvimos una sensibilidad de 100% y especificidad de 0% para el polimorfismo africano. Con respecto a los polimorfismos europeos, obtuvimos una sensibilidad de 96.5% y especificidad de 93.1%, para ambos. Según los resultados, se podrían utilizar ambas variantes europeas para el diagnóstico de hipolactasia en adultos.

32. CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE UN CASO PRADER CON DOS LÍNEAS CELULARES CON CROMOSOMAS Y DE DIFERENTES TAMAÑOS DE HETEROCROMATINA.

Curotto, B., Alliende M. A., Aravena T., Santa María L. Laboratorio Citogenética Molecular INTA. U. de Chile. bcurotto@inta.cl

La presencia de dos alteraciones cromosómicas en un individuo son raras, el síndrome de Prader Willi (SPW) tiene una frecuencia conocida, sin embargo, existen pocos reportes de pacientes con cromosomas Y con tamaños diferentes de heterocromatina.

El cromosoma Y presenta pocos genes, más del 50% de sus secuencias son repetidas, la región de heterocromatina es de tamaño variable en la población normal.

Se discute el posible origen dos alteraciones detectadas en un paciente de un mes de edad con fenotipo de SPW, con un cariotipo con dos líneas celulares que presentan cromosomas Y diferentes.

En el niño y su padre se realizó cariógrama con bandeos G y C para evaluar regiones cromosómicas polimórficas de los cromosomas 1, 9 y 16 y el tamaño de los cromosomas Y.

En el niño se realizó FISH en metafases con sondas de la región crítica del SPW y tres sondas locus específica del cromosoma Y.

El bandeo CBG mostró similitud en las regiones cromosómica polimórficas, en ambas líneas celulares y es consistente con un origen parental común; esto se apoya con el resultado de la microdelección que se observó en todas las metafases analizadas.

El tamaño del cromosoma Y paterno es intermedio al de los dos cromosomas Y del hijo. Se postula que este evento postcigótico, se generó por un crossing-over desigual entre cromátidas hermanas del cromosoma Y paterno, originándose una delección y duplicación de heterocromatina.

33. ESTUDIO DE POLIMORFISMOS GENÉTICOS DE MTHFR, ECA Y PAI-1 EN PACIENTES CON ENFERMEDAD CARDIOVASCULAR (Study of Genetics Polymorphism of MTHFR, ECA and PAI-1 in patients with Cardiovascular Disease).

Roco, A.^{1,2,3}, Miranda, K.¹; Guajardo, L.¹; Craviolatti C.¹, Ramírez, A.²; Donoso, H.²; Sepúlveda P.²; Lapostol, C.²; Miranda, D.³; Saavedra, I.; Quiñones, L.³

¹ UNAB.

² HSJD.

³ Centro de Investigaciones Farmacológicas y Toxicológicas (IFT) Programa de Farmacología Molecular y Clínica, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. aroco@ift.cl

Las enfermedades cardiovasculares representan la primera causa de muerte en Chile. Existen factores de riesgo ambientales y factores genéticos que tienen una estrecha relación con la susceptibilidad de padecer enfermedades coronarias. El objetivo del presente trabajo fue estudiar la presencia de variantes genéticas de MTHFR, ECA Y PAI-1 en pacientes con enfermedad cardiovascular crónica controlados en el Policlínico de Cardiología del Hospital San Juan de Dios. **Metodología:** El estudio se realizó con pacientes crónicos mayores de 18 años con enfermedad cardiovascular El análisis genotípico se realizó con kit comerciales PCR tiempo real. **Resultados:** Polimorfismo MTHFR: frecuencias genotípicas/C: 28%, C/T: 54% y T/T: 18%; Polimorfismo PAI-1: frecuencias genotípicas: 5G/5G: 40%, 4G/5G: 47% y 4G/4G: 13%; Polimorfismo ECA, las frecuencias genotípicas/I: 38%, I/D: 44% y D/D: 18%. Frecuencias Alélicas: MTHFR: C: 0,55; T: 0,45; PAI-1: 4G: 0,36; 5G: 0,64; ECA: I: 0,60; D: 0,40 **Conclusión:** Se logró establecer las frecuencias fenotípicas y genotípicas de los polimorfismos en estudio, al mismo tiempo que validar un método de potencial aplicación en diagnóstico clínico.

Agradecimientos: Roche Molecular Diagnostics.

34. ESPECTRO DE MUTACIONES DEL GEN FMR1 Y TRASTORNOS ASOCIADOS AL SÍNDROME X FRÁGIL (FXD) (FMR1 gene mutations and fragile X disorders).

Alliende M. A.¹, Curotto B.¹, Aravena T.¹, Santa María L.¹, Pugin A.¹, Soto P.²

¹ Laboratorio de citogenética Molecular, INTA-Universidad de Chile.

² Terapia Ocupacional, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. malliend@inta.uchile.cl

Introducción: FXD son un conjunto de patologías genéticas relacionadas a distintas amplificaciones del triplete CGG ubicado en 5'UTR del gen FMR1, en Xq27.3. El más frecuente, el Síndrome X Frágil(SXF), se caracteriza por déficit intelectual(DI) y amplificación >200CGG o Mutación Completa(MC), hipermetilándose el gen con la consecuente ausencia de la proteína FMRP. Amplificaciones de >55<200CGG o Premutación(PM), aumentan los niveles de mRNA de FMRP generando Insuficiencia Ovárica Primaria(FXPOI) y Síndrome de Temblor/Ataxia(FXTAS), patología neurológica del adulto que afecta más a varones. Objetivo: Caracterizar el espectro de mutaciones transmitidas en una misma familia, a partir de individuo con MC desmetilada y FXTAS. Métodos: En 6 miembros de la familia se determinó el tipo de mutación, metilación, niveles de mRNA y FMRP. Resultados: El individuo con FXTAS presentó una amplificación de 180-410 CGG, 100% desmetilado y aumento de 7,3 veces mRNA; las hijas heredaron la PM y presentaron FXPOI; los nietos con DI presentaron MC y mosaico Mutación Completa/Premutación. Conclusión: Amplificaciones del gen FMR1 y FXD pueden ser transmitidos a través de personas con manifestaciones fenotípicas de aparición tardía y pueden afectar a varios miembros en diferentes generaciones. Los aspectos genéticos y emocionales que implican un diagnóstico de FXD son complejos y pueden afectar la vida de diversos miembros de la familia.

35. ESTUDIO DE LA COMPOSICIÓN GENÉTICA DE LA POBLACIÓN MIXTA DE LA COMUNA DE CONCEPCIÓN MEDIANTE EL ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DEL ADN MITOCONDRIAL (Genetic composition study of the admixture population of Concepción through the analysis of mitochondrial DNA polymorphisms).

Pezo, P., de Saint Pierre M. y Moraga, M.
Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Santiago. ppezo@udec.cl

Los haplogrupos mitocondriales se encuentran asociados a ciertas áreas geográficas. En Chile, los haplogrupos A2, B2 están altamente representados en el norte, mientras que C1 y D1 son muy frecuentes en el centro-sur y extremo austral de Chile. Recientemente se han detectado subhaplogrupos B(A470G), C(C258T) y D(C16187T), asociados a poblaciones indígenas del centro-sur de Chile y Argentina.

Se investigó el aporte de estos haplogrupos y las nuevas mutaciones en la composición genética de la comuna de Concepción y su relación con poblaciones originarias. Para esto se analizaron las frecuencias de los haplogrupos y sus variantes en 231 individuos de Concepción y se compararon con grupos originarios del norte, centro-sur y extremo austral. Los resultados muestran un 89% de aporte amerindio en la comuna de Concepción y una elevada presencia de las variantes B470G(76,5%), C258T(64,6%) y D16187T(71,2%). Estos resultados indican una fuerte relación genética de la comuna de Concepción

con poblaciones nativas del centro-sur de Chile. Por último, la segregación norte-sur que presentan estas nuevas mutaciones las convierte en una valiosa herramienta para el análisis de poblaciones urbanas respecto del origen geográfico de su componente amerindio.

Agradecimientos: FONDECYT 1100643.

36. VARIABILIDAD GENÉTICA EN EL GEN DEL RECEPTOR DE ARGININA VASOPRESINA (AVPR1B) EN PACIENTES CON DEPRESIÓN MAYOR (Genetic variability in AVPR1b gene in patients with major depressive).

López, P., Véliz A., Castillo P., Fiedler J., y Herrera L.
Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Independencia 1027.

Uno de los principales antidepresivos utilizados en el tratamiento de la depresión mayor es la fluoxetina, sin embargo una parte importante de los pacientes no responde a la terapia. Por esto se han realizado diversos estudios con el fin de encontrar nuevos blancos farmacológicos, uno de estos es el gen del receptor de la Arginina Vasopresina (AVPR1b). Para estudiar posibles polimorfismos en el gen AVPR1b se secuenció una región de 798bp del exón 2 en 26 pacientes con depresión mayor. Esta región había sido previamente asociada con depresión mayor. Se identificó 7 de los 11 polimorfismos conocidos y un STR no descrito previamente en la literatura. De estos rs33985287 fue el más polimórfico seguido por rs28676508, rs63611260 y rs33933482. Al comparar las frecuencias alélicas con las descritas en otras poblaciones se encontraron valores similares, a excepción del SNP rs33935503, que presentó un alelo más frecuente distinto al descrito en poblaciones caucásicas, asiáticas y africanas. Esto podría explicarse por las diferencias étnicas o por particularidades de la población depresiva analizada. Esta información se utilizará para buscar asociaciones entre los polimorfismos presentes en estos pacientes con mayor frecuencia y la respuesta antidepresiva.

Financiado por FONDECYT 1090219.

37. ASOCIACIÓN ENTRE POLIMORFISMOS DEL GEN DEL RECEPTOR 1 DE LA HORMONA LIBERADORA DE CORTICOTROFINA CON LA RESPUESTA A TRATAMIENTO CON FLUOXETINA (Association between Polymorphisms of the Corticotrophin Releasing Hormone receptor 1 gene and response to Fluoxetine treatment).

^{1,2}Symon, A., ³Lara P., ^{2,3}Heskia C., ³Marín F., ³Guajardo V., ³Rojas G., ⁴Fiedler J., ³Araya V. y ²Herrera L.

¹Escuela de Tecnología Médica, Facultad Medicina, Universidad de Chile, ²Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad Medicina, Universidad de Chile ³Hospital Clínico JJA, Universidad de Chile ⁴Facultad de Química y Farmacia, Universidad de Chile. adrisymon@hotmail.com

Muchos pacientes con Depresión mayor presentan hiperactivación y reducida retroalimentación negativa del eje Hipotálamo-Hipófisis-glándula Adrenal (HHA). La respuesta a terapias antidepressivas se asocia con una capacidad reducida de normalizar el funcionamiento del eje HHA. El receptor de la Hormona Liberadora de Corticotrofina 1 (CRHR1) es crítico para la regulación del eje.

Analizamos la asociación entre dos SNPs (Polimorfismos de nucleótido simple): rs242939 y rs242941 de CRHR1, con la respuesta al tratamiento con Fluoxetina y con los niveles de cortisol salival.

Se genotipificó a 157 pacientes con Depresión Mayor y se analizó la asociación con la respuesta al tratamiento con Fluoxetina. 59,22% de los pacientes respondió después de 2 meses de tratamiento. Además, encontramos asociación significativa entre el genotipo AG del SNP rs242939 y la respuesta temprana al tratamiento (día 21). Los pacientes con genotipo AG presentaron niveles reducidos de cortisol salival a las 12:00AM. Finalmente, el haplotipo G-T (rs242939 y rs242941) se asoció con la respuesta al tratamiento.

Financiado por Fondecyt 1090219.

38. ESTUDIO DE HETEROPLASMA EN FAMILIAS CHILENAS PORTADORAS DE SÍNDROME DE ENCEFALOMIOPATÍA MITOCONDRIAL, ACIDOSIS LÁCTICA Y EPISODIOS DE STROKE-LIKE (MELAS) (Heteroplasmy study of Chilean families affected by Mitochondrial Encephalomyopathy, Lactic Acidosis and Stroke-like Episodes, MELAS).

Millán, F.^{1,2}, Troncoso, M.², Moraga, M.¹

¹ Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, U. de Chile.

² Servicio Neuropsiquiatría Infantil, Hospital San Borja-Arriarán. Facultad de Medicina, U. de Chile.

La heteroplasma explica en parte la penetrancia, expresividad y variabilidad fenotípica del MELAS. Identificamos la mutación A3243G en familias con afectados de MELAS y cuantificamos la heteroplasma en diferentes tejidos para relacionarla con la clínica. Se estudió a afectados y familiares por línea materna, previo consentimiento informado. Se aplicó cuestionario clínico y se tomaron muestras de sangre, saliva, mucosa yugal y orina. Se extrajo el DNA, se realizó PCR-RFLP y se cuantificó la heteroplasma. Se estudiaron 28 individuos de 4 familias, resultando 21 positivos para la mutación A3243G. Los 5 pacientes MELAS presentan la mutación en todas las muestras, con heteroplasma creciente en sangre (4,1-26,6%), saliva, mucosa yugal

y orina (38,7-80,6%). La heteroplasma en orina correlaciona con la severidad de la sintomatología. 16 de 23 familiares presentaron la mutación: 9 en sangre, 13 en saliva, 16 en mucosa yugal y orina. En todos los individuos que presentan la mutación la heteroplasma es mayor a menor edad. Entre los familiares positivos el grupo de mayor edad presenta más síntomas y menor heteroplasma lo que sugiere que bajo una determinada carga mutacional los individuos no desarrollan MELAS y tardan más tiempo en presentar otros síntomas.

39. SÍNDROME DE SMITH-MAGENIS EN CHILE: REPORTE DE 3 CASOS (Smith-Magenis syndrome in Chile: a report of three cases).

Aravena, T.¹, Passalacqua, C.², Curotto, B.¹, Alliende, M. A.¹, Pugin, A.¹, Santa María, L.¹

¹ INTA, Universidad de Chile.

² Hospital Van Buren, Valparaíso. taravena@inta.uchile.cl

Introducción: el síndrome de Smith-Magenis (SSM;OMIM:182290) es un complejo desorden neurocognitivo, causado por una deleción intersticial del cromosoma 17p11.2. El SSM ocurre en 1 en 25,000 recién nacidos y se caracteriza por dismorfias faciales, discapacidad intelectual y trastornos neuroconductuales, incluyendo trastornos del sueño, conductas desadaptativas, y autoinjurias. Objetivo: describir características físicas y neuroconductuales de niños chilenos con SSM. Métodos: se revisaron antecedentes clínicos de 3 pacientes referidos para estudio por discapacidad intelectual. La deleción del cromosoma 17 fue evaluada con cariógrama y FISH (17p11.2LSI SMS, Vysis). Resultados: en todos se confirmó una deleción clásica por FISH y el cariotipo fue normal. La evaluación clínica (edades entre los 2 y 13 años), mostró anomalías craneofaciales y conductuales, hipotonía, retraso psicomotor y discapacidad intelectual, exceso de apetito y obesidad, conductas estereotipadas, autoinjurias y trastornos del sueño. Uno presentaba poliembolomanía y ninguno tenía malformaciones cardíacas o renales asociadas. Discusión: los resultados confirman los hallazgos descritos en la literatura internacional y según nuestro conocimiento son los primeros pacientes con SSM reportados en Chile. Aun cuando el SSM es un síndrome relativamente poco frecuente, debe ser considerado en el diagnóstico diferencial de pacientes con discapacidad intelectual asociada a trastornos severos de conducta, incluyendo movimientos estereotipados, conductas de autoagresión y trastorno del sueño.

40. ANÁLISIS DE MUTACIONES EN EL GEN PMP22 POR PCR MÚLTIPLE DE SONDAS LIGADAS (MLPA) (Study of PMP22 gene mutations with Multiplex Ligation Probe Amplification-MLPA).

Santa María, L., Pugin A., Pizarro L., Curotto B. y Alliende M. A. Laboratorio de Neurogenética, INTA-Universidad de Chile. Patrocinante: B. Curotto.

Charcot-Marie-Tooth (CMT1A) es la Neuropatía Periférica más común y clínicamente se caracteriza por entecimiento en la conducción nerviosa. Neuropatía Hereditaria por sensibilidad a la presión (HNPP) se caracteriza por el adormecimiento/parálisis posterior a una presión nerviosa sostenida. Ambas enfermedades se presentan con una herencia autonómica dominante y se asocian a mutaciones en el gen PMP22 que mapea en una región de 1,5 Mb en 17p11.2. CMT1A se produce por duplicación génica mientras que HNPP corresponde a una delección de la misma región. En ambos casos el diagnóstico confirmatorio requiere análisis de la mutación. Objetivo: Confirmar diagnóstico clínico de CMT1A y HNPP, mediante técnica molecular confiable, rápida y de fácil acceso. Metodología: Al ADN genómico de cada paciente se aplicó la técnica MLPA® que amplifica por PCR sondas diseñadas para región CMT1A/HNPP. Resultados: De los 7 pacientes derivados para estudio molecular de CMT1A, 5(71%) mostraron ganancia de 1,5 veces en el número de copias de DNA de región CMT1A/HNPP (duplicación) y los 2 pacientes con diagnóstico clínico de HNPP mostraron pérdida de 0,5 veces en el número de copias para esa misma región (delección). Conclusiones: El MLPA demostró ser eficiente en la detección de ambas mutaciones, permitiendo la confirmación diagnóstica de neuropatías CMT1A y HNPP. Esto permite diferenciarlas de otras neuropatías con rapidez, certeza y de manera no invasiva.

41. SÍNDROME DE LUJAN-FRYNS: REPORTE DE UN CASO (Lujan-Fryns syndrome: a case report).

Martín, L. M., Rojas, F., Faundes, V., Ringeling, P., Castillo, S. Servicio de Genética, Hospital Clínico Universidad de Chile.

Introducción: El síndrome de Lujan-Fryns (SLF) forma parte de las patologías con retraso mental ligadas al cromosoma X, del cual se han reportado menos de 50 casos. Las principales características de este síndrome corresponden a talla alta con hábito marfanoide, dismorfias faciales y trastornos conductuales como inestabilidad emocional, hiperactividad, timidez, autismo y trastornos psicóticos con alucinaciones visuales y auditivas. Presentamos el caso de un paciente de 11 años que fue derivado al Servicio de Genética de nuestro hospital por problemas conductuales, talla alta y hábito marfanoide. **Objetivos:** Caracterizar un síndrome poco común cuyas principales manifestaciones son neurológicas y psiquiátricas. **Descripción del caso:** Primer hijo de una pareja sana no consanguínea. Presenta antecedentes de déficit atencional de predominio impulsivo, con conductas no adecuadas y poca percepción de daño. Además de la talla alta (p95) y hábito marfanoide, presentaba hipotonía e hiperlaxitud. Tiene resonancia magnética de cerebro que muestra una hipófisis pequeña y un SPECT con aumento de perfusión frontal bilateral. Cariograma y FISH 22q11 resultaron normales. **Conclusión:** El SLF debe ser sospechado en individuos con problemas psicopatológicos importantes, asociados a otras características fenotípicas. Si bien no existe un tratamiento específico, estos pacientes necesitan un cercano seguimiento neuropsiquiátrico. La única causa conocida es la mutación en el gen *MED12*, localizado en Xq13.1 y cuyo estudio molecular se encuentra disponible.

Patrocinado por Dra. Silvia Castillo.

42. ANÁLISIS DEL DAÑO GENÉTICO MEDIANTE EL ENSAYO DEL COMETA EN MUJERES TEMPORERAS EXPUESTAS A PESTICIDAS EN LA REGIÓN DEL BIO-BÍO, CHILE (Analysis of Genetic damage by alkaline comet assay in seasonal women workers exposed to pesticides in the region of Bio-bio, Chile).

Inzunza, B.¹; Márquez, C.¹; Duk, S.¹ y Gavilán, J.¹

¹ Departamento de Biología Celular, Facultad de ciencias Biológicas, laboratorio de Biología celular y Citogenética, Universidad de Concepción. Concepción, Chile.

La VIII Región de Chile es un importante productor agrícola, por lo que se ha introducido el uso cada vez mayor de sustancias químicas nocivas, tales como plaguicidas y fertilizantes. Como consecuencia, las temporeras de nuestra región están constantemente en exposición a estos pesticidas, esto puede traducirse en un aumento del daño citogenético que se relaciona también con el incremento en el número de niños con malformaciones y una mayor incidencia de cáncer. Es necesario, entonces, realizar estudios para determinar el probable daño citogenético en mujeres laboralmente expuestas. Esta investigación consistió en la aplicación del ensayo del cometa en linfocitos de mujeres expuestas a mezclas de pesticidas comparadas con un grupo de mujeres no expuestas. El ensayo reveló diferencias estadísticamente significativas en el parámetro del Tail moment entre el grupo expuesto y el control, siendo 10 veces más alto en el grupo expuesto. Esta investigación confirma que la exposición laboral a pesticidas resulta en un incremento del daño citogenético de las mujeres temporeras expuestas a mezclas de agroquímicos.

Investigación financiada por proyecto DIUC n° 209.031.106-1.0

43. ESTUDIO MORFOLÓGICO SOBRE LOS EFECTOS DEL PESTICIDA PARAQUAT EN EMBRIONES DE POLLO (Morphological study on the effects of pesticide Paraquat in chicken embryos).

Duk, S.¹; Márquez, C.¹; Figueroa, I.¹; Tornería, M.¹ y B., Inzunza¹

¹ Departamento de Biología Celular, Facultad de ciencias Biológicas, laboratorio de Biología celular y Citogenética, Universidad de Concepción, Chile.

En Chile las exportaciones agrícolas han tenido un alza importante y la VIII Región se ha transformado en uno de los núcleos más importantes de este rubro. Como consecuencia, los trabajadores temporeros de los huertos industriales de nuestra región están constantemente en exposición a pesticidas de uso común como el Paraquat, del cual existe escasa información científica de los posibles efectos sobre la salud. Algunos riesgos que corren estos trabajadores a la exposición a pesticidas son el aumento de probabilidad de sufrir cáncer, trastornos del sistema reproductor y degeneraciones neurales entre otras.

Se realizó una investigación experimental con huevos de gallinas ponedoras *Gallus gallus* para evaluar el efecto del paraquat en embriones. Se trabajó con un grupo expuesto y un grupo control, ambos fueron sometidos a una incubación artificial por un periodo de 10 y 12 días. Los embriones obtenidos fueron procesados con técnicas histológicas para posterior observación mediante microscopía óptica. Los resultados revelan alteraciones como hemorragias, ascitis, malformaciones en extremidades, ojo y cráneo, en el crecimiento y mortalidad. Se concluye que el Paraquat produce alteraciones, anomalías y malformaciones de diversos tipos sobre los embriones de pollo, confirmando su toxicidad y su poder teratogénico.

Investigación financiada por proyecto DIUC n° 209.031.106-1.0

44. BIOMONITORIZACIÓN CITOGÉNÉTICA DE POBLACIONES EXPUESTAS A AGENTES AMBIENTALES EN TALCAHUANO REGIÓN DEL BIO-BIO MEDIANTE EL ENSAYO DE MICRONUCLEOS (Cytogenetic Biomonitoring of populations exposed to environmental agents in Talcahuano region of Bio Bio using the micronuclei assay).

Márquez, C.¹; Moraga, E.¹; Zapata, R.¹; Inzunza, B.¹; Duk, S.¹

¹ Depto. Biología Celular, Facultad Cs. Biológicas.

² Centro de Formación y Recursos Didácticos. Universidad de Concepción.

Los organismos de salud han estado preocupados por la gran exposición a productos químicos y agentes genotóxicos que produce la actividad industrial. Por proximidad a estas áreas pobladores de la comuna de Talcahuano están expuestos a agentes ambientales que pueden causar daño genético. El objetivo de la investigación fue realizar una biomonitorización mediante el ensayo de Micronúcleos (MN) a los habitantes de la Población Libertad de la comuna de Talcahuano de la Región del Biobío. Los resultados demostraron diferencias estadísticamente significativas para la frecuencia de MN entre las poblaciones expuestas y controles (Expuestos = $10,15 \pm 5,95$; controles = $4,2 \pm 1,7$). Estudios realizados por la corporación nacional del medio ambiente (CONAMA) en el año 2005 mostraron niveles elevados de PM_{10} medido en la estación de la población libertad, lo que permite confirmar nuestros resultados en cuanto a la exposición ambiental a agentes industriales en poblaciones aledañas a cordones industriales.

Investigación financiada por Proyecto DIUC n° 209.031.106-1.0

45. WEBQUEST DE GENÉTICA HUMANA COMO HERRAMIENTA DE ENSEÑANZA EN CARRERAS DEL ÁREA DE LA SALUD (Webquest of Human genetics as a tool for teaching in health careers).

Duk, S.¹; Rocha, R.²; Inzunza, B.¹; Márquez, C.¹

¹ Depto. Biología Celular, Facultad Cs. Biológicas.

² Centro de Formación y Recursos Didácticos. Universidad de Concepción.

El clásico enfoque conductivista, con poca participación del estudiante está cambiando hacia uno más constructivista lo que hace necesario incorporar metodologías novedosas que fomenten en los estudiantes el desarrollo de competencias genéricas. Las webquests son metodologías de enseñanza que incentivan a los estudiantes a lograr aprendizajes significativos mediante la creatividad y el trabajo grupal.

El objetivo del trabajo fue elaborar un recurso didáctico basado en TICs denominado "Web Quest: Genética Humana para estudiantes del área Biomédica" con el propósito de entregar a los alumnos una estrategia metodológica que les permitiera consolidar el aprendizaje autónomo y colaborativo.

La experiencia fue implementada y desarrollada durante el año 2010 a primer año de Fonoaudiología.

El análisis de las encuestas indicó que el 93% de los alumnos considera que la actividad debería mantenerse en el programa y el 100% señaló haber aprendido sobre la enfermedad genética asignada. Comentarios positivos señalan a la WebQuest como una metodología didáctica, innovadora y creativa que favorece la retroalimentación, el trabajo en equipo y el autoaprendizaje. Los resultados evidencian el entusiasmo e interés de los alumnos por el uso de metodologías innovadoras que puedan ser incorporadas mediante el uso de TICs en docencia de pregrado.

Proyecto Docencia N° 09-011.

FISIOLOGÍA-NEUROBIOLOGÍA

46. EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GDF9 Y BMP15 EN OVOCITOS DE PERRA (*CANIS LUPUS FAMILIARIS*) EN DISTINTOS ESTADIOS DE MADURACIÓN (Differential expression of *gdf9* and *bmp15* in dog (*Canis Lupus familiaris*) oocytes according to different maturation stages).

Gambra, R., De los Reyes, M., Jedlicki, A., Palomino, J., Martínez, V. FAVET-INBIOGEN, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

En mamíferos la regulación de la maduración folicular está asociada a distintas proteínas del complejo cúmulo-ovocito (CCO). Una de estas es la GDF9, que está asociada en ratones a infertilidad debido a un bloqueo temprano de la foliculogénesis. La proteína BMP15, está asociada a superovulación o infertilidad en ovejas y en ratonas a subfertilidad. No obstante lo anterior, existe escasa información en caninos, en relación al rol de estas proteínas en el proceso de maduración folicular.

El objetivo de este ensayo es determinar la expresión diferencial de los genes *gdf9* y *bmp15* en CCO de caninos en distintos estados de maduración, a través de PCR cuantitativo. Para BMP15, se utilizó partidores dirigidos contra una región previamente usada en estudios bovinos, considerando solo aquellos que presentaban identidad completa entre ambas especies, y amplificación específica para este gen. Para GDF9, los partidores fueron obtenidos a partir de contigs caninos publicados de NCBI. Ambos juegos de partidores fueron validados *in silico* e *in vivo* considerando CCO en distintos estados de maduración, lo que dará cuenta del rol de estos genes en este importante proceso reproductivo de esta especie.

FONDECYT 1110265.

47. ROL DE LA VÍA RHOA/ROCK EN LA HIPERTENSIÓN ARTERIAL PULMONAR NEONATAL INDUCIDA POR HIPOXIA CRÓNICA INTRAUTERINA (The RhoA/ROCK pathway role in the neonatal pulmonary arterial hypertension induced by intrauterine chronic hypoxia).

López, N. C.¹, Ebensperger, G.¹, Herrera, E. A.^{1, 2}, Moraga, F. A.³, Reyes, R. V.¹, Llanos, A. J.^{1, 2}

¹ Programa de Fisiopatología, Facultad de Medicina.

² International Center for Andean Studies (INCAS); Universidad de Chile.

³ Facultad de Medicina, Universidad Católica del Norte; Chile.

La hipoxia crónica intrauterina es una causa importante de la hipertensión arterial pulmonar (HTP) del recién nacido (RN). Postulamos que la vía vasoconstrictora RhoA/ROCK es fundamental en la fisiopatología de esta condición. Investigamos el efecto de un inhibidor de ROCKs en corderos RN tratados con fasudil (Fas) y controles, gestados y nacidos en Putre a 3.600 m (n=5 por grupo). Basalmente y ante un evento agudo de hipoxia, el grupo Fas presentó menor presión arterial pulmonar media (Fas: 30.0 ± 0.4 vs. Control: 42.0 ± 0.4 mmHg, P<0.05). Más aún, Fas disminuyó el área muscular de arterias pequeñas pulmonares (Fas: 30.0 ± 1.4 vs. Control: 47.4 ± 3.7%, P<0.05). Adicionalmente, la hipoxia crónica aumentó la expresión de RhoA en un 34% y no afectó la de ROCK I y II (RT-PCR) en pulmones de RN de 3.600 m vs. RN de 50 m (P<0.05). La vía RhoA/ROCK juega un rol central

en la generación de la hipertensión y remodelamiento vascular pulmonar neonatal inducido por hipoxia crónica durante la gestación.

Patrocinio: Aníbal Llanos.

Fondecyt 3100080, 1090355 y 1080663.

48. EXPRESIÓN Y NITRACIÓN DE MNSOD EN TEJIDOS SENSIBLES A HIPOXIA EN RATAS SOMETIDAS A HIPOXIA INTERMITENTE CRÓNICA (Expression and nitration of MnSOD in hypoxia-sensitive tissues of rats exposed to chronic intermitent hypoxia).

Moya, E. A., Iturriaga, R.

Laboratorio de Neurobiología, Facultad Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica de Chile.

Se ha propuesto que el estrés oxidativo producido por la hipoxia intermitente contribuye al desarrollo de hipertensión. Sin embargo, existe controversia respecto a los mecanismos que causan el aumento de las especies reactivas del oxígeno (ROS) en células sensibles a hipoxia en el cuerpo carotídeo y en la glándula adrenal. Los niveles de ROS son regulados por enzimas antioxidantes como la manganeso superóxido dismutasa (MnSOD), y se sabe que MnSOD disminuye su actividad cuando es modificada por formación de 3-nitrotirosinas (3-NT). Así, cambios en la expresión o en la nitración de MnSOD pueden contribuir al aumento de ROS. Medimos por inmunohistoquímica los niveles de MnSOD y 3-NT en cuerpos carotídeos y médulas adrenales de ratas sometidas a hipoxia intermitente (5%O₂ 12 veces/hr, 8hrs/día) por 7 días. En médulas adrenales medimos por western blot los niveles y nitración de MnSOD.

Encontramos un aumento en los niveles de 3-NT y MnSOD en cuerpos carotídeos y glándulas adrenales, y aumento de la nitración de MnSOD en glándulas adrenales de ratas expuestas a hipoxia intermitente. Estos resultados sugieren que pese al aumento de los niveles de MnSOD, su actividad estaría disminuida, favoreciendo el incremento de ROS inducido por la hipoxia intermitente.

Agradecimientos: FONDECYT 1100405 y apoyo tesis CONICYT AT#24110172.

49. LA SUPRESIÓN DE MELATONINA MATERNA INTERRUMPE EL RELOJ ADRENAL FETAL (Maternal melatonin suppression disrupts the fetal adrenal clock).

Méndez N., Abarzúa-Catalán L., Vilches N.*, Serón-Ferré M.*, Torres-Farfán C.

Instituto de Anatomía, Histología y Patología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile.

*ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

En la rata, la oscilación de genes reloj en la adrenal fetal ocurre hacia el final de la gestación. Los relojes fetales son sincronizados por señales maternas, entre ellas estaría el ritmo circadiano de melatonina materna. Recientemente publicamos que el reloj contenido en la adrenal fetal es sincronizado por melatonina *in vitro*. Aquí exploramos si el reloj en la adrenal fetal es sincronizado por melatonina materna *in vivo*.

En adrenal de fetos (18 días de gestación-DG; n=5/cada 4-h por 24-h) gestados en: luz continua desde 10-DG (LL) y LL con suplementación materna con melatonina (LL+Mel), medimos la expresión de genes reloj (Bmal1-Per2), StAR y el receptor de melatonina Mtl por qPCR.

Exposición materna a luz continua induce en la adrenal fetal una pérdida de ritmos circadianos tanto en los genes medidos como en el contenido de corticosterona. Esto fue revertido en el grupo LL+Mel, con acrofases similares al grupo control (12:12), indicando que melatonina materna es clave en la generación y/o sincronización de los ritmos circadianos en la adrenal fetal. La pérdida del ritmo de corticosterona y la disminución de sus niveles, podrían inducir efectos a largo plazo en la progenie, idea que estamos explorando actualmente.

Fondecyt-1080649, DID-UACH.

50. LA SUPRESIÓN DE MELATONINA MATERNA DURANTE LA GESTACIÓN DESORGANIZA LA FISIOLÓGÍA DEL CORAZÓN FETAL Y ADULTO (Maternal melatonin suppression during gestation impacts the fetal and adult heart).

Abarzúa-Catalán L., Méndez N., Vilches N.*, Serón-Ferré M.*, Torres-Farfán C.

Instituto Anatomía, Histología y Patología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile.

*ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

La madre provee al feto señales claves para su desarrollo. Una de ellas es melatonina, contribuyendo a la organización fisiológico-circadiana de diversos órganos fetales, entre ellos estaría el corazón.

Investigamos: 1) si el corazón de feto de rata contiene un reloj periférico; 2) el efecto de la supresión de melatonina materna en algunos ritmos del corazón fetal y el efecto a largo plazo en la morfometría cardíaca.

En corazón de fetos (18 días de gestación-DG; n=5/cada 4-h por 24-h) gestados en: luz:oscuridad (LO); luz continua desde 10-DG (LL) y LL con suplementación materna con melatonina (LL+Mel), medimos la expresión de genes reloj(Bmal1-Per2), metabólicos (Pgc1 α -Ppara-Glut1-4) y Mt2 por qPCR. En adultos (90-días; LO, LL y LL+Mel), evaluamos espesor ventricular y área de las cavidades.

El corazón fetal expresa en forma circadiana todos los genes estudiados, pero con diferencias significativas en fetos LL. En adultos aumentó el espesor ventricular y disminuyó el área

ventricular; efectos revertidos por reemplazo diario con melatonina a la madre.

Colectivamente, los resultados descritos sugieren que melatonina materna actúa como una señal clave en el desarrollo cardíaco fetal y que la falta de melatonina materna induciría efectos persistentes en el adulto.

Fondecyt-1080649, Conicyt-AT-24100077, DID-UACH.

51. LA SUPRESIÓN DE MELATONINA MATERNA INDUCE EFECTOS A LARGO PLAZO EN LA RATA (Maternal melatonin suppression during gestation induces long term effects in the rat offspring).

Spichiger, C., Méndez N., Vilches N., Abarzúa-Catalán L., Galdames H. A., Richter H. G., Torres-Farfán C.

Instituto de Anatomía, Histología y Patología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile.

Condiciones adversas del embarazo incrementan la incidencia de enfermedades de la vida adulta, una de ellas podría ser el fotoperíodo materno alterado, a través de la supresión de melatonina. De hecho, la supresión de melatonina materna modifica la corticosterona fetal e induce retardo de crecimiento intrauterino. Aquí, exploramos los efectos a largo plazo de la supresión de melatonina materna sobre metabolismo de glucosa, consolidación de la memoria y expresión de genes reloj y receptores de NMDA en hipocampo.

En ratas macho (90-días), gestados en: luz:oscuridad (LO); luz:continua desde 10 DG (LL) y LL con suplementación materna con melatonina (LL+Mel), realizamos test de tolerancia a la glucosa (TTG) y Water-Maze para evaluar memoria espacial. En hipocampo investigamos la expresión de los genes reloj (Bmal1-Per2) y de las subunidades de receptor de NMDA1B-3A-3B.

Los machos LL presentaron: glucosa plasmática más alta en condiciones basales y en respuesta al TTG; déficits cognitivo espacial y en hipocampo presentaron baja expresión de genes reloj y de receptores de NMDA. Estos efectos de LL fueron revertidos cuando la madre recibió melatonina.

Estos resultados apoyan que la supresión de melatonina materna induce efectos a largo plazo en la progenie.

Fondecyt-1080649-111220, DID-UACH.

52. DEPRESIÓN INMUNE EN LA EXPRESIÓN DE GENES COMO RESPUESTA A CAMBIOS TÉRMICOS AGUDOS EN EL ERIZO ANTÁRTICO (Immune depression in gene expression as a response to acute thermal changes in the Antarctic sea urchin).

Calfio, C.¹, Mercado, L.², Bethke, J.², Iunes, R.³, Silva, J. R. M. C.³, B., González, M.¹

¹ Laboratorio de Biorrecursos Antárticos, Instituto Antártico Chileno.

² Instituto de Biología. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

³ Instituto de Ciencias Biomédicas-CebiMar, Univesidad de São Paulo.

El erizo Antártico *Sterechinus neumayeri* está adaptado a un estrecho rango de temperaturas (entre -1 y 2 °C). Por lo tanto variaciones en la temperatura del agua pueden tener un impacto directo en procesos bioquímicos y fisiológicos. El aumento de la temperatura también estará asociado a la inducción de la hipoxia por la limitación de oxígeno en el agua de mar. El objetivo de este trabajo es poder estudiar a nivel molecular las respuestas adaptativas en el corto plazo de estos invertebrados sometidos a estrés térmico. Para esto se analizó la expresión por medio de qPCR de algunos genes implicados en la respuesta inmune, síntesis de proteínas y el estrés. Después de ser sometidos a estrés térmico se observó una marcada tendencia a una depresión en la expresión de ciertos genes como LBP/BPI, Metalotioneína (MT), 28S, 18S y actina. Por el contrario, se evidencia un incremento de la expresión de proteínas asociadas con el estrés del tipo HSP70 y MT. Basados en estos datos, temperaturas de 5 y 10 °C pueden producir depresión en la expresión del ARNm con excepción de proteínas de estrés.

Financiamiento: Fondecyt 11090265.

53. EXPRESIÓN DE UNA PROTEÍNA DE ESTRÉS TÉRMICO EN EL ERIZO ANTÁRTICO (Expresión of heat shock protein in Antarctic sea urchin).

Calfio, C.¹, Mercado, L.², Bethke, J.², Iunes, R.³, Silva, J. R. M. C.³, B., González, M.¹

¹ Laboratorio de Biorrecursos Antárticos, Instituto Antártico Chileno.

² Instituto de Biología. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

³ Instituto de Ciencias Biomédicas-CebiMar, Univesidad de São Pablo.

Los equinodermos como *Sterechinus neumayeri* son comunes en los ambientes marinos antárticos. Estos organismos no sufren grandes cambios térmicos, viviendo a temperaturas que bordean los 0°C. El presente trabajo presenta los resultados respecto de la identificación y expresión de una proteína de tipo Hsp70 en *S. neumayeri* sometidos a estrés térmico de 5°C y 10°C. Se analizó en celomocitos y glándula digestiva la expresión a nivel de transcrito y proteína. Se obtuvo una secuencia parcial de 650 pb, que presentó una fuerte identidad con otras proteínas de la familia de las Hsp70. Los resultados de qPCR demuestran que existe una leve inducción en la expresión del gen de Hsp70 en la glándula digestiva y en celomocitos en respuesta al estrés térmico. Por otra parte, se detectó la presencia de la proteína Hsp70 a nivel celular, existiendo leves pero significativos aumentos respecto al grupo control. Por medio de western blot se determinó que el anticuerpo reconoce específicamente una proteína de 70 kDa. Estos resultados evidencian que estos equinodermos no han perdido la capacidad de expresar este tipo de chaperonas, presentando cierta capacidad de respuesta fisiológica frente al estrés térmico.

Financiamiento: Fondecyt 11090265.

54. EL HIPOCAMPO DE FETO DE RATA CONTIENE UN RELOJ CIRCADIANO REGULADO POR MELATONINA MATERNA (The rat fetal hippocampus contains a circadian clock entrained by maternal melatonin).

Vilches, N., Abarzúa-Catalán L., Méndez N., Spichiger C., Galdames H. A., Richter H. G., Torres-Farfán C.

Instituto de Anatomía, Histología y Patología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile.

El hipocampo, estructura clave en procesos de memoria y aprendizaje, está regulado por múltiples señales derivadas del fotoperiodo. En el feto de rata existe una organización circadiana, pero desconocemos el papel que cumple durante la vida fetal y si el hipocampo fetal es un reloj periférico. Aquí investigamos si el hipocampo fetal es un reloj periférico potencialmente sincronizado por melatonina materna.

En hipocampo de fetos (18 días de gestación-DG; n=5/cada 4-h por 24-h) gestados en: luz:oscuridad (LO); luz continua desde 10 DG (LL) y LL con suplementación materna con melatonina (LL+Mel), medimos la expresión de genes reloj(Bmal1-Per2), receptores de melatonina y de genes metabólicos (Glut-4 y GCR) por RT-PCR.

El hipocampo de feto de rata expresa genes reloj (Per2-Bmal1), receptores de melatonina (Mtl1-Mt2) y genes metabólicos (Glut4-GCR) con un ritmo circadiano. Dichos ritmos fueron suprimidos en hipocampo de fetos LL y restaurados en fetos de madres suplementadas con melatonina.

Estos resultados apoyan la presencia de un reloj periférico en el hipocampo de feto de rata. Los efectos de la falta de melatonina materna encontrados apoyan que esta hormona contribuiría a la generación y sincronización de ritmos circadianos en el hipocampo fetal.

Fondecyt-1080649-111220, DID-UACH.

55. ESTUDIO DEL AMONIO ENDÓGENO Y ACTIVIDAD GLICOLÍTICA EN CÉLULAS CHO-TPA CULTIVADAS A TEMPERATURA SUBFISIOLÓGICAS (Study of endogenous ammonium and glycolytic activity of CHO-tPA cells cultivate at subphysiological temperature).

¹Acevedo, C. A., ²Reyes, J. G., ³Berríos, J., ³Vergara, M. & ³Altamirano, C.

¹ Centro de Biotecnología, Universidad Técnica Federico Santa María, cristian.acevedo@usm.cl.

² Instituto de Química, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

³ Escuela de Ingeniería Bioquímica, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

El activador plasminógeno tisular (tPA) es una proteína producida comercialmente en células CHO-tPA. Estudios han demostrado que el uso de temperaturas subfisiológicas incrementa su producción. Sin embargo, poco se sabe acerca del efecto del amonio endógeno sobre su metabolismo y cómo afecta la temperatura subfisiológica la regulación de la vía glicolítica.

Células CHO-tPA, cultivadas a 33°C, fueron expuestas a altas concentraciones de glutamina para sobreproducir amonio endógeno.

Los resultados indican una fuerte correlación entre la concentración de amonio endógeno intracelular y extracelular. La actividad PFK no fue inhibida por la concentración de amonio intracelular, sin embargo, estudios *in-vitro* muestran inhibición de PFK con concentraciones mayores a la intracelular. No se encontraron variaciones significativas del flujo de glucosa/lactato a distintas concentraciones de amonio endógeno.

Estos resultados sugieren que el uso de temperaturas subfisiológicas permitiría una regulación de la concentración de amonio, evitando la inhibición de PFK y manteniendo constante el flujo glicolítico. Esto explica en parte porque el uso de temperaturas subfisiológicas aumenta la productividad de las células CHO-tPA.

Patrocinio: Juan G. Reyes.

Agradecimientos: Proyecto PUCV PIA 037.362/2011.

56. ESTUDIO COMPARATIVO DEL PERFIL VOLÁTIL ENTRE MÚSCULOS BOVINOS GLICOLÍTICOS Y GLICOLÍTICOS/OXIDATIVOS (Comparative study of volatile profile between glycolytic and glycolytic/oxidative bovine muscles).

¹Albornoz, F. A., ¹Acevedo, C., ¹Sánchez, E., ²Tomic, G., ²Silva, J. R., ¹Young, M. E.

¹ Centro de Biotecnología, Universidad Técnica Federico Santa María (fernando.albornoz@usm.cl).

² Departamento Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Santiago de Chile.

Los músculos pueden clasificarse de acuerdo a su metabolismo como oxidativos (ricos en fibras rojas) y glicolíticos (ricos en fibras blancas). Estos últimos, pueden ser glicolíticos puros o glicolíticos con capacidad oxidativa.

Gran cantidad de compuestos volátiles orgánicos son producidos por los tejidos musculares y emanados en condiciones *post-mortem*. El estudio de estos compuestos es de gran interés en tecnología pecuaria, ya que otorgan el aroma característico de la carne fresca. Compuestos orgánicos volátiles liberados por músculo *M. longissimus dorsi* (músculo esencialmente glicolítico) y *M. cutaneous trunci* (músculo glicolítico con capacidad oxidativa), obtenidos

de bovinos (novillitos) fueron estudiados mediante el uso de cromatografía de gases utilizando un equipo Hewlett-Packard (HP 6890). La identificación de los compuestos se realizó utilizando espectrometría de masa.

La cromatografía permitió la separación e identificación de 37 compuestos orgánicos volátiles. Para investigar si los cambios de los perfiles-VOC se asociaban al tipo de metabolismo muscular, se realizó un análisis quimiométrico de los cromatogramas usando la técnica estadística de componentes principales, evidenciando diferencias entre ambos tipos de músculos.

De este estudio se concluye que el metabolismo de compuestos volátiles depende de la capacidad glicolítica y oxidativa del músculo.

Patrocinio: Caroline Weinstein.

Agradecimientos: Proyecto FONDEF D08I1102.

57. TEJIDO ADIPOSO VISCERAL OBESO IMPLANTADO EN ANIMALES DELGADOS AUMENTA LA EFICIENCIA DE LA INGESTA CALÓRICA (High-fat diet-induced obese visceral adipose tissue grafted in lean mice increases energy intake efficiency).

Barrera C., Morgan C.

Instituto Nutrición y Tecnología de los Alimentos: Laboratorio de Nutrición y Regulación Metabólica Universidad de Chile.

Chronic consumption of high-fat diet may lead rodents and people to obesity. Triglyceride accumulation in adipose tissue increases energy intake efficiency (ratio of change in body weight versus energy intake) instead of increasing energy intake. The mechanisms governing these changes are not well understood.

In an attempt to determine the contribution of white adipose tissue to regulate energy intake efficiency, we grafted visceral white adipose tissue provided from obese mice fed 60% kcal in fat during twelve weeks, into lean recipient mice either subcutaneously or intraperitoneally.

Intraperitoneal but not subcutaneous transplantation of obese mice derived-visceral adipose tissue consistently increased energy intake efficiency.

Results show a whole-organism effect dependent on the site of transplantation. The main difference between both transplants was that in the intraperitoneal case, grafts were incorporated directly into the endogenous epididymal fat depot, instead that randomly under the skin, suggesting that either portal irrigation or visceral adipose innervation or both can influence a role of white adipose tissue in energy intake efficiency.

Funding: FONDECYT #1090230 grant awarded to C.M. Adjuntar Trabajo.

58. USO DE MICROPARTÍCULAS DE QUITOSANO COMO ADYUVANTES EN VACUNAS CONTRA LA HORMONA LIBERADORA DE GONADOTROFINAS (GNRH-I) (Use of chitosan microparticles as adjuvants in Gonadotropin-releasing hormone vaccines, GnRH-I).

Siel, D. Vidal, S. Sáenz, L.

Centro Biotecnológico Veterinario, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

Con el fin de mejorar y facilitar las condiciones de manejo en porcinos, se trabaja en la generación de una vacuna peptídica que actúe contra la hormona liberadora de gonadotropinas (GnRH-I), para esto se necesitan diferentes estrategias adyuvantes. El uso de micropartículas de quitosano como adyuvante, potencia la inmunogenicidad de péptidos y proteínas utilizadas como antígenos. Ratones de la cepa BalB/c fueron inmunizados con el antígeno recombinante GnRXG/Q en micropartículas de quitosano. Estas micropartículas fueron sintetizadas mediante gelación iónica utilizando TPP como polianión e incorporando el antígeno recombinante GnRXG/Q con un 100% de eficiencia. Utilizando el equipo Zeta Plus se determinó el potencial zeta ($15,20 \pm 0,73$ V) y tamaño de las micropartículas ($337,9 \pm 3,8$ nm) formuladas. Se evaluó la inmunogenicidad de la vacuna analizando el perfil de inmunoglobulinas producidas contra GnRXG/Q y contra la hormona nativa, en los animales inmunizados. Se encontró a partir del día 15 postinmunización un elevado título de inmunoglobulinas IgG total, IgG1 e IgG2a específicas contra el antígeno recombinante GnRXG/Q y contra la hormona GnRH-I, demostrando la efectividad de esta formulación vacunal.

Agradecimientos: Trabajo financiado por el Proyecto FONDEF D08I1085.

59. MALNUTRICIÓN PRENATAL EN LA RATA: ROL DE LOS ADRENORRECEPTORES β_1 EN LA PLASTICIDAD SINÁPTICA DE LA CORTEZA FRONTAL (Prenatal malnutrition in the rat: role of β_1 -adrenoceptors on synaptic plasticity in the frontal cortex).

Flores O.¹, Pérez H.¹, Valladares L.¹, Morgan C.¹, Gatica A.¹, Burgos H.², Olivares R.³, **Hernández A.**⁴

¹ INTA, Universidad de Chile.

² Instituto Internacional para el Desarrollo Cognitivo, Universidad Central.

³ Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Chile.

⁴ Laboratorio de Neurobiología, Universidad de Santiago de Chile.

La malnutrición prenatal lleva a disfunción de los sistemas noradrenérgicos corticales, y a déficits de potenciación sináptica de larga duración (LTP) y desempeño visuo-espacial. Dado que los adrenoceptores β_1 y su señalización río abajo están involucrados en la LTP y formación de memorias, evaluamos la densidad de adrenoceptores β_1 (ensayo de radioligandos con ³H-dihidroalprenolol en presencia de betaxolol) así como las expresiones de las proteínas cinasas PKA, CaMKII y Fyn (Western blot) en la corteza frontal de ratas adultas sometidas a malnutrición durante la vida prenatal (dieta materna con solo 7.2% proteína versus 22.5% proteína en controles eutróficos). Adicionalmente evaluamos si el agonista β_1 selectivo dobutamina revierte el déficit de LTP que presentan estos animales. Las ratas malnutridas fueron incapaces de desarrollar LTP. Además exhibieron una reducción de Bmax (50%) para el receptor β_1 junto con déficit de expresión de PKA y CaMKII (51 y 65%

respectivamente). Dobutamina administrada antes de la tetanización rescató completamente la capacidad de la corteza prefrontal de los animales malnutridos para desarrollar y mantener LTP.

Fondecyt 1070028 y 1080684.

60. MDMA (ÉXTASIS) INCREMENTA LA POTENCIACIÓN SINÁPTICA DE LARGA DURACIÓN EVOCADA *IN VIVO* EN LA CORTEZA PREFRONTAL DE LA RATA (MDMA, 'ecstasy', increases long-term synaptic potentiation evoked *in vivo* in the rat prefrontal cortex).

Quinteros, D.¹, Burgos H.², Hernández A.³, Sáez-Briones P.⁴

¹ Programa de Doctorado en Ciencias, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Instituto Internacional para el Desarrollo Cognitivo, Universidad Central.

³ Laboratorio de Neurobiología, Facultad de Química y Biología, USACH.

⁴ Escuela de Medicina, Facultad de Ciencias Médicas, USACH.

Hemos descrito que bajas dosis de MDMA mejoran la memoria espacial en el laberinto radial octogonal de Olton 4x4, pero no alteran tareas de condicionamiento operante en caja de Skinner. Ambas tareas requieren de información previa, lo que implica la participación de eventos neuroplásticos en la corteza prefrontal. En el presente estudio se investigó el efecto de una dosis única de MDMA (5 mg/kg i.p.) en la potenciación sináptica de larga duración (LTP) de respuestas de campo obtenidas *in vivo* en la corteza prefrontal de ratas adultas anestesiadas. Las respuestas se evocaron mediante estimulación de baja frecuencia de las fibras callosales (0.1 Hz), y la LTP se indujo utilizando un protocolo de estimulación de alta frecuencia (330 Hz). MDMA, administrado 30 minutos antes de la estimulación tetánica, incrementó la LTP prefrontal en alrededor de 100% en relación a los controles que recibieron salino. Estos datos sugieren que MDMA favorece la plasticidad en la corteza prefrontal.

Proyectos CEDENNA FB0807, Fondecyt 1085051, Dycit 021001SB, e INDESCO 2011.

61. INFLUENCIA DE LA ADMINISTRACIÓN CRÓNICA DE DIAZEPAM EN EL APRENDIZAJE DE TAREAS COMPLEJAS DE CONDICIONAMIENTO OPERANTE EN RATAS (Influence of chronic administration of diazepam on learning of operant conditioning complex tasks in rats).

Pedrerros, E.¹, Miño I.¹, Concha C.¹, Constandil L.², Hernández A.², Castillo A.³, Burgos H.⁴

¹ Escuela de Psicología, Universidad de las Américas.

² Laboratorio de Neurobiología, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

³ Escuela de Psicología, Universidad Autónoma de Chile.

⁴ Instituto Internacional para el Desarrollo Cognitivo, INDESCO, Universidad Central de Chile.

Resultados previos de nuestro grupo muestran que la administración crónica de diazepam induce déficits en el desempeño visuoespacial de la rata, medido en el laberinto radial octogonal de Olton, lo que sugiere que las benzodiazepinas desfavorecen la neuroplasticidad hipocámpal. Interesa en el presente estudio, investigar la influencia de la administración crónica de diazepam en el desempeño en tareas complejas de condicionamiento operante que involucren la corteza frontal. Se administró diazepam (10 mg/kg/día i.p.) durante 15 días a ratas machos jóvenes, y se evaluó el cumplimiento de una tarea de aprendizaje por encadenamiento de respuestas en una caja de Skinner. Los resultados mostraron que diazepam crónico indujo disminución en los aciertos y total de respuestas en la tarea compleja, respecto del grupo control, lo que sugiere un efecto deletéreo en los mecanismos neuroplásticos de la corteza frontal.

Proyecto INDESCO 2011, CEDENNA FB0807.

62. BÚSQUEDA Y ANÁLISIS DE RESPUESTAS OLFATORIAS EN EL CEREBELO DE LA TRUCHA ARCOIRIS (ONCORHYNCHUS MYKISS) (Screen for olfactory responses in the cerebellum of the rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*)).

Olivares, J. and Schmachtenberg, O.

Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

The cerebellum works a sensory-motor interface, but it remains unclear if chemosensory stimuli are also processed in this part of the brain. The goal of this project was to detect and analyze electrical responses to odorant stimulation in the corpus cerebellum of a teleost fish, provide a cartography of the recording sites and a descriptive analysis (spike sorting followed by frequency plot) of their properties. To that end, paired recordings of the electroolfactogram and of extracellular multiunit responses from the corpus cerebellum were obtained under stimulation of the olfactory organ with different odorant classes.

Initial results indicate that certain odorants may elicit electrical responses in the posterior region of the corpus cerebellum near the midline. Some weak responses were also detected in other regions of the cerebellum. Although direct anatomical connections between the olfactory bulb and the cerebellum of teleost fishes have not been described, our data suggest that olfactory information is processed in the corpus cerebellum of the rainbow trout.

Financial support: FONDECYT No. 1090343.

63. ÓXIDO NÍTRICO MODULA CORRIENTES ACTIVADAS POR VOLTAJE EN CÉLULAS BIPOLARES ON DE RETINA DE RATA (Nitric oxide modulates voltage-gated currents in ON bipolar cells of rat retina).

Vielma, A. and Schmachtenberg, O.

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

The principal source of nitric oxide (NO) in the retina is a subset of amacrine cells termed type I, II and displaced NOACs. Their putative targets are ON cone bipolar cells which present a prominent expression of soluble guanylate cyclase (sGC) and NO-dependent cGMP elevation. Our goal is to investigate if NO modulates voltage-gated currents in ON bipolar cells through the activation of sGC and cyclic GMP production. For this purpose, bipolar cells were recorded in slices of rat retina by whole-cell patch clamp. The axonal arbors of cells were stimulated with a "puff" of a nitric oxide donor (NOC-12, 1 mM) or a soluble guanylate cyclase activator (YC-1, 200 μ M). Before and after of application of drugs, the cells were subjected to voltage-step protocols. Cells were dye-filled with Lucifer Yellow for morphological identification. The results indicate that nitric oxide amplified outward currents in ON cone bipolar cells of type 7 and 8 (n=5), while NO stimulation of type 5 and 6 produced a decrease of outward currents (n=3). YC-1 triggered a decrease of outward currents in most cells treated (n=4). Voltage-gated currents in rod bipolar cells were not modulated by NO (n=4), but were also reduced by YC-1 application (n=2). In some cases, hyperpolarization-activated currents (HCNs) were modulated by NO in ON cone bipolar cells (n=3), which warrants further analysis. In summary, exogenous NO differentially modulates voltage-gated currents in different types of ON bipolar cells. However, not all of these NO actions appear to be mediated its second messenger cGMP.

Proyecto FONDECYT 1090343 (O.S.) y beca CONICYT (A.V.).

64. CÉLULA CRIPTA OLFATORIA DE TRUCHA ARCOIRIS RESPONDE A ODORANTES RELACIONADOS A REPRODUCCIÓN (Olfactory Crypt Cells of the Rainbow Trout Respond to Odorants Related to Reproduction).

Bazáes, A. and Schmachtenberg, O.

Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

Teleost fishes express a unique chemosensory receptor neuron, the olfactory crypt cell, which has both cilia and microvilli and co-expresses the G-proteins G_o and G_q . Currently, its odorant specificity, transduction pathway(s) and overall function remain unclear, but prior work supports a role in sex pheromone detection. Here, calcium imaging was used to detect responses of crypt cells from immature and mature (male and female) rainbow trout to general and social odorants, sex hormones and natural extracts as sources of pheromones (bile, gonadal and skin extracts). In parallel, the size of crypt cells and their localization in the olfactory epithelium were compared between immature and mature trout male and female. Crypt cells from young trout responded to all stimuli tested in a similar percentage, and thus lacked specificity for reproduction-related odorants, while crypt cells from mature male and female trout responded significantly more frequently to stimuli of the opposite sex. Crypt cells from mature trout were also larger and more apically localized in the olfactory epithelium.

Finally, the olfactory transduction pathway of crypt cells was analyzed with specific pathway agonists. The vast majority of crypt cells were stimulated by agonists of either the AC-cAMP or the PLC-DAG/IP3 pathways.

Financial support: FONDECYT No. 1090343.

Acknowledgements: Supported by FONDECYT 1090343.

65. LA DESREGULACIÓN DE LA GLIOTRANSMISIÓN AUMENTA LA TRANSMISIÓN SINÁPTICA EXCITATORIA EN EL HIPOCAMPO DE RATAS EPILÉPTICAS (Dysregulation of gliotransmission increases the excitatory synaptic transmission in the hippocampus of epileptic rats).

Morales, J.; Álvarez Ferradas, C.; Fuenzalida, M.; Roncagliolo, M. y Bonansco, C.

Centro de Neurobiología y Plasticidad del Desarrollo, Departamento de Fisiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

Aun cuando se ha descrito una severa disfunción astrogliar en la epilepsia, se desconoce si la señalización glía-neurona mediada por gliotransmisores está afectada en circuitos epileptoides. Mediante aproximaciones electrofisiológicas, estudiamos la neurotransmisión glutamatérgica y la actividad astrocítica espontánea en las neuronas piramidales CA1 de hipocampo de ratas sometidas a un protocolo modificado de kindling clásico. Este protocolo induce un estado epiléptico en corto tiempo, mediante estimulaciones repetitivas a intensidad subumbral en la amígdala basolateral. Las ratas kindleadas mostraron una significativa depresión de las corrientes postsinápticas excitatorias (EPSCs) evocadas por protocolos de pulsos pareados. Los valores de probabilidad de liberación (Pr) y de eficacia sináptica de EPSCs evocadas por estimulación mínima (meEPSCs) fueron mayores en ratas kindleadas. Estas alteraciones sinápticas fueron reducidas en presencia de antagonistas para mGluRs del grupo

I, alcanzando valores cercanos al control. La frecuencia de las EPSCs en miniatura (mEPSCs, resistentes a TTX) fue mayor en hipocampos kindleados, mientras que su amplitud mostró valores similares al control. La frecuencia de las corrientes lentas de salida dependientes de astrocitos (SOC, sensibles a APV) fue mayor que en el control. Nuestros resultados demuestran que el aumento de la neurotransmisión glutamatérgica en hipocampos kindleados está determinada por un aumento de la Pr, como consecuencia de una elevada señalización glutamatérgica desde los astrocitos hiperexcitados. Concluimos que la desregulación de la gliotransmisión participa en la generación de la actividad epileptogénica a través de la sobreactivación de mGluRs en los circuitos sinápticos excitatorios del hipocampo.

Fondecyt 1100385 Dipuv 03/2008 CB; Fondecyt 11090059 Dipuv 46/2007 MF; Dipuv 40/2007 MR; CID 01/2006.

66. LA ACTIVACIÓN DE RECEPTORES MUSCARÍNICOS M1 Y M2 MODULA LA PLASTICIDAD DE SINAPSIS GABAÉRGICAS (Modulation of GABAergic synaptic plasticity by activation of M1 and M2 muscarinic receptors).

Espinoza, C.; Ahumada, J.; Roncagliolo, M.; Bonansco, C. y Fuenzalida, M.

Centro de Neurobiología y Plasticidad del Desarrollo, Departamento de Fisiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

El sistema colinérgico juega un fundamental en la modulación de la excitabilidad neuronal, la transmisión sináptica, la sincronización de circuitos neuronales y el aprendizaje y memoria. Aunque se ha determinado que la activación de receptores colinérgicos nicotínicos (nAChR) y muscarínicos (mAChR) modula la eficacia de la transmisión Glutamatérgica, el papel de la acetilcolina (ACh) sobre la transmisión GABAérgica ha sido poco estudiado. Utilizando técnicas de electrofisiología hemos examinado el efecto de la ACh sobre la eficacia de la transmisión GABAérgica en rebanadas de hipocampo de rata. Previamente demostramos que la interacción entre el sistema colinérgico y endocannabinoides (eCBs) pueden reducir la eficacia de la transmisión GABAérgica en un subgrupo de interneuronas de la región de CA1 de hipocampo. En este trabajo, observamos que en interneuronas insensibles a eCBs, la activación de mAChR induce un aumento de la eficacia de la transmisión GABA. La perfusión de Carbacol (agonista AChR) induce un aumento de la probabilidad de liberación de GABA, de la frecuencia y amplitud de las corrientes inhibitorias postsinápticas espontáneas (sIPSC). Este efecto fue bloqueado por atropina (antagonista de mAChR), por Pirenzepina y AFDX-116 (antagonistas selectivos de receptores M1 y M2 muscarínicos, respectivamente) e insensible al bloqueo de nAChR. Nuestros resultados sugieren que la activación de receptores M1 y M2 muscarínicos modula la eficacia de la transmisión inhibitoria, la plasticidad sináptica y el almacenamiento de información en circuitos hipocampales.

Fondecyt 11090059 Dipuv 46/2007 MF; Fondecyt 1100385 Dipuv 03/2008 CB; Dipuv 40/2007 MR; CID 01/2006.

67. EFECTO DE UN AMBIENTE ENRIQUECIDO POSTNATAL TEMPRANO EN LOS DÉFICITS DE APRENDIZAJE VISUO-ESPACIAL Y EXPRESIÓN DE BDNF INDUCIDOS POR MALNUTRICIÓN PROTEICA PRENATAL EN LA RATA (Effect of early postnatal enriched environment on deficits of visuo-spatial learning and BDNF expression induced by prenatal protein malnutrition in the rat).

Puentes, G.¹, Navarrete A.², Martínez A.², Castillo A.³, Flores O.¹, Pérez H.¹, Hernández A.⁴, Burgos H.³

¹ INTA, Universidad de Chile.

² Facultad de Educación, Universidad de los Lagos.

³ Escuela de Psicología, Universidad Autónoma de Chile.

⁴ Lab. Neurobiología, USACH.

Se estudió si un ambiente enriquecido, implementado durante la vida postnatal temprana de la rata, es capaz de compensar los déficits de aprendizaje visuo-espacial (laberinto de Olton) inducidos por malnutrición proteica prenatal (8% caseína), y si es capaz de revertir los cambios de expresión de BDNF (ensayo de ELISA) en regiones cerebrales relevantes a estos procesos de aprendizaje (corteza frontal y occipital e hipocampo). Ratas malnutridas y eutróficas fueron poliestimuladas desde el día 2 de vida postnatal hasta el destete, y otros animales malnutridos y eutróficos fueron criados en condiciones no enriquecidas. A los 60 días de vida postnatal, las ratas malnutridas sin poliestimulación presentaron déficits de aprendizaje visuo-espacial y de expresión de BDNF en ambas regiones corticales, déficits que no se presentaron en las ratas poliestimuladas. Se concluye que la poliestimulación postnatal temprana revierte en la rata los déficits de aprendizaje visuo-espacial inducidos por malnutrición prenatal, efecto que puede estar relacionado con aumento de expresión de BDNF en la neocorteza.

Fondecyt 1070028 y 1080684.

68. MECANISMOS IMPLICADOS EN LA ALODINIA AL FRÍO INDUCIDA POR EL FACTOR NEUROTRÓFICO DERIVADO DE CEREBRO (BDNF) EN EL RATÓN (Mechanisms involved in cold allodynia induced by brain-derived neurotrophic factor (BDNF) in mouse).

Goich, M., Constandil, L.*, Hernández, A.*, Pelissier, T.

Programa de Farmacología Molecular y Clínica, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

*Laboratorio de Neurobiología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Varios estudios ponen en evidencia que a nivel espinal BDNF juega un rol como un modulador pronociceptivo del dolor, actuando a nivel de receptores TrkB que inician cascadas de señales intracelulares que producen una sensibilización central. Se investigó en ratón la participación de la glia y de los receptores NMDA en el mecanismo de acción de BDNF a nivel trigeminal. Se administró propentofilina (inhibidor glial) 10 mg/kg durante 10 días i.p. o ketamina (inhibidor inespecífico del receptor NMDA) en dosis de 0.03, 0.1, 0.3, y 1 mg/kg s.c, dos veces al día, durante 5 días. BDNF se administró por vía intracisternal (100 ng) después de propentofilina o durante la administración de ketamina, y se evaluó la alodinia al frío inducida por acetona durante 21 días. Los resultados mostraron que propentofilina y ketamina son capaces de bloquear la alodinia al frío producida por BDNF durante el período de observación. Estos resultados apoyan la participación glial y de

los receptores NMDA en la alodinia al frío inducida por BDNF a nivel trigeminal.

FONDECYT 1090476.

69. EL ESTRÉS CRÓNICO MODIFICA LA EFICACIA DE LA TRANSMISIÓN SINÁPTICA GLUTAMATÉRGICA Y GABAÉRGICA EN EL HIPOCAMPO DE RATA (Chronic stress modify the efficacy of Glutamatergic and GABAergic transmission).

Ahumada, J., Morales J., Terreros G., Dagnino A., Bonansco C. y Fuenzalida M.

Centro de Neurobiología y Plasticidad del Desarrollo, Departamento de Fisiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

El estrés crónico produce atrofia dendrítica en el hipocampo y deteriora la memoria en ratas. El objetivo de este estudio fue analizar el efecto del estrés crónico por inmovilización (ECI) sobre la excitabilidad neuronal y la transmisión sináptica excitatoria e inhibitoria de hipocampo. Utilizando técnicas de electrofisiología, evaluamos la eficacia de sinapsis Glutamatergicas y GABAérgicas en rebanadas de hipocampo obtenidas de ratas *Sprague-Dawley* sometidas a ECI. En rebanadas de hipocampo obtenidas de estos animales, la neurotransmisión Glutamatergica en sinapsis CA3-CA1 se encuentra aumentada. Observamos un aumento de la probabilidad de liberación de Glutamato y de la frecuencia de las corrientes excitatorias postsinápticas espontáneas (sEPSC), sin un efecto significativo sobre la amplitud de las sEPSC. Paralelamente, el ECI induce una reducción de la transmisión GABAérgica, disminuyendo la probabilidad de liberación y la frecuencia de las corrientes inhibitorias postsinápticas espontáneas (sIPSC), sin un efecto significativo sobre la amplitud de las IPSCs. Además observamos que el ECI altera la inducción de la plasticidad sináptica, modificando el umbral de inducción de potenciación sináptica a largo plazo. Estos resultados sugieren que el ECI afecta la eficacia de sinapsis Glutamatergicas y GABAérgicas, alterando el balance excitación-inhibición y la plasticidad de circuitos cerebrales.

Fondecyt 11090059 Dipuv 46/2007 MF; Fondecyt 1100385 Dipuv 03/2008 CB; 1100413AD; CID 01/2006.

70. INTERACCIÓN ENTRE LA HOMEOSTASIS DEL SUEÑO DE MOVIMIENTOS OCULARES RÁPIDOS (MOR) Y LA PRIVACIÓN DE SUEÑO POR MODAFINIL (Interaction of REM sleep homeostasis and the pharmacological sleep deprivation produced by modafinil).

Espinoza, D. y Ocampo-Garcés, A.
Programa de Fisiología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

La privación de sueño es seguida por un inmediato rebote compensatorio que permite la total recuperación del tiempo de sueño MOR en la rata. Interesa evaluar si la privación de sueño producida por modafinil afecta la respuesta compensatoria ante la privación selectiva de sueño MOR. Ratas fueron registradas polisomnográficamente en cámaras de aislamiento en un régimen de ciclo luz oscuridad 12:12. Después de dos días de línea de base cada rata fue infundida con un pulso de 100 mgr/Kg de modafinil a la hora 5 desde encendido de la luz, con y sin previa privación selectiva de sueño MOR en días no consecutivos (condiciones Privación y No-Privación respectivamente). En ambas condiciones el modafinil provocó un período sostenido de 3 horas de vigilia seguido de una fase de sueño con predominio de sueño No-MOR. La cantidad total de sueño MOR en condiciones Privación y No-Privación no mostró diferencias significativas. En la condición Privación se observó un aumento en la duración de los episodios de sueño MOR, con un incremento del 82% en los episodios largos. El modafinil impide la ocurrencia del inmediato rebote de sueño MOR a pesar de la alta presión homeostática generada durante la privación selectiva.

FONDECYT 1100245.

71. MACROANATOMÍA DEL ÓRGANO VOMERONASAL Y ESTRUCTURAS ASOCIADAS A LA NARIZ DE *THYLAMYS ELEGANS* (MARSUPIALIA: DIDELPHIMORPHIA) (Macroanatomy of the vomeronasal organ and associated structures at the nose of *Thylamys elegans* (Marsupialia: Didelphimorpha))

Buldrini, K., Fernández P., Suárez R. y Mpodozis J.
Laboratorio de Neurobiología y Biología del Conocer, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

The VNO of *T. elegans* is a tubular, rostrocaudally oriented organ, bilaterally located below the nasal septum. It is rostrally open to the nasal cavity, and it is also connected with the oral cavity through the nasopalatine duct. The VNO contains a medial sensory neuroepithelium and a lateral non-sensory epithelium that differ in thickness and cellular composition. Its anterior portion it is surrounded by loose connective tissue, the paraseptal cartilage and several bony processes laterally located. Blood vessels are widely distributed along the rostrocaudal axis in medial and lateral territories. Toward its caudal end, the VNO contains exclusively non-sensory epithelium surrounded by gland tissue and a bone capsule. The VNO of *T. elegans* shares overall structural features, such as a dual connection to the nostrils and mouth, with a phylogenetically wide group of marsupials and Eutherians species, including opossums, wallabies, tenrecs, carnivores and ungulates. Thus, this trait may constitute an ancestral condition in mammals. Other anatomical arrangements, such as the nasal only opening VNO found in rodents would be then considered a derived trait. This first description of the *T. elegans*'s VNO provides the context for future comparative studies.

FONDECYT 1080094.

72. EXPRESIÓN DE EPHA7 DURANTE LA FORMACIÓN DE LA COMISURA POSTERIOR (EphA7 expression during posterior commissure development).

Stanic, K.; Leiva, M. J.; Quiñónez, N.; González M.; Caprile, T.
Laboratorio de guía axonal, Facultad de Ciencias Biológicas Universidad de Concepción.

En organismos bilateralmente simétricos el intercambio de información entre los lados derecho e izquierdo del cuerpo es esencial para integrar la información sensorial y coordinar una respuesta motora. Este intercambio ocurre mediante comisuras formadas por neuronas que proyectan sus axones a través de la línea media hacia el lado contrario del Sistema Nervioso Central. Estos axones son guiados por células especializadas de la línea media, las cuales expresan diversas moléculas capaces de atraer o repeler a los axones en crecimiento.

La comisura posterior es un tracto axonal que atraviesa la línea media a través del diencéfalo dorsal. Estudios previos en nuestro laboratorio demuestran que esta región se encuentra dividida en: A -Dos zonas bilaterales que secretan la glicoproteína OSC-espondina hacia la matriz extracelular, participando en la fasciculación y crecimiento de los axones. B- Una zona central carente de OSC-espondina donde los axones deciden si cruzan o no la línea media, guiados por moléculas hasta ahora desconocidas. El presente trabajo demuestra la presencia de EphA7 en la línea media del diencéfalo dorsal mediante inmunocitoquímica, hibridación in situ y RT-PCR, así como las variaciones de esta proteína en distintos estadios de desarrollo. Los resultados del presente trabajo sugieren la participación de EphA7 en la guía de axones de la comisura posterior.

FONDECYT 1110723.

ECOLOGÍA

73. PATRONES DE CRECIMIENTO Y FLUJO DE SAVIA DE ÁRBOLES MEDITERRÁNEOS REVELAN DIFERENTES VULNERABILIDADES AL CAMBIO CLIMÁTICO (Different growth and sap flow patterns of Mediterranean trees reveal different vulnerabilities to climate change).

Förner, A., Aranda, I. and Valladares, F.
MNCN-CSIC, CIFOR-INIA, MNCN-CSIC.

El estudio a largo plazo de los patrones de crecimiento y flujo de savia de especies forestales permite la identificación de vulnerabilidades diferenciales que pueden llevar a cambios en la estructura y dinámica de los bosques en climas nuevos. Se instalaron dendrómetros y medidores de flujo de savia en especies arbóreas de dos bosques Mediterráneos continentales, el seco y térmicamente contrastado Parque Natural del Alto Tajo y el relativamente húmedo Hayedo de Montejo, en Guadalajara y Madrid respectivamente. Las especies de estudio fueron *Pinus nigra*, *Quercus ilex* y *Quercus faginea* en el Alto Tajo y *Fagus sylvatica*, *Quercus petraea* e *Ilex aquifolium* en Montejo. Los resultados muestran que las diferencias en los flujos máximos estacionales de savia entre individuos pueden llegar a ser más relevantes que las existentes entre especies. Las diferencias marcadas en los patrones de flujo de savia y de crecimiento entre las distintas especies y su diferente tendencia a lo largo de las estaciones revelan una sensibilidad diferencial de los árboles estudiados a los cambios climáticos previstos. El adelanto de la sequía previsto para la región tendrá un fuerte impacto sobre las especies de ciclo corto (caducifolios) que no será compensado por un eventual aumento de las lluvias otoñales.

Patrocinio: Ernesto Gianoli.

74. MODELACIÓN DEL NICHOS ECOLÓGICO DE LAS ESPECIES SUDAMERICANAS DEL GÉNERO NOTHOFAGUS BLUME Y EFECTO ESPERADO DEL CAMBIO CLIMÁTICO SOBRE SU DISTRIBUCIÓN (Ecological niche modelling for the South American species of the genus *Nothofagus* Blume and the expected effect of climate change on their distribution).

Alarcón, D. & Cavieres, L. A.
Departamento de Botánica, Universidad de Concepción e Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

Se analizaron los nichos climáticos de diez especies del género *Nothofagus* Blume. Para ello, se utilizó información sobre su distribución geográfica y ocho índices derivados de variables ambientales de temperatura y precipitación. El modelo de nicho para cada especie se obtuvo a partir del mejor de nueve algoritmos analizados mediante software BIOMOD. Los modelos resultantes se proyectaron geográficamente para el presente y para diversos escenarios futuros de cambio climático, con resolución cercana a 1 km². Los modelos predicen desplazamientos de poblaciones de estas especies hacia zonas de mayor latitud y altitud. Las variables climáticas que podrían correlacionarse con estos cambios se analizaron mediante un PCA. Los dos componentes principales explican 68% de la varianza, con la amplitud térmica, temperatura máxima y precipitación anual, correlacionándose con el primer componente (49% de la varianza) y estacionalidad de la temperatura y precipitación del trimestre más frío, con el

segundo componente (19% de la varianza). Nuestros resultados sugieren que futuras variaciones en amplitud térmica, temperatura máxima y precipitación anual serían los más preponderantes en determinar cambios en la distribución de especies sudamericanas de *Nothofagus*.

Agradecimientos: Beca Doctoral CONICYT, F ICM PO5-02; PFB-023.

75. DISTRIBUCIÓN Y EXPANSIÓN DEL BOSQUE DE NOTHOFAGUS HACIA LA ESTEPA PATAGÓNICA DURANTE EL HOLOCENO (Distribution and expansion of *Nothofagus* forest toward the Patagonian steppe during the Holocene).

Vargas, P.^{1, 2}, Álvarez, D¹, Araneda, A¹, Torrejón, F¹, Parra, O¹, Urrutia, R¹.

¹ Unidad de Sistemas acuáticos, Centro de Ciencias Ambientales EULA-Chile, Universidad de Concepción, Casilla 160-C.

² Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción.

El objetivo de esta investigación fue reconstruir los cambios que experimentó la vegetación de la estepa patagónica durante el Holoceno a través de registros polínicos del lago Cisnes (47°08'S; 73°24'O). El registro comenzó en el año 1353BP bajo condiciones frías y relativamente secas que restringieron el desarrollo de especies arbóreas. El ensamble polínico estuvo caracterizado por *Acaena*- Asteraceae- Cariophyllaceae- Poaceae- *Empetrum*. A partir del año 10199BP, y hasta 1675AD, se registró un periodo cálido, muy oscilante entre condiciones húmedas y secas, que permitió el crecimiento y la expansión de los taxa arbóreos: *Podocarpus nubigera* y sobre todo, *Nothofagus* tipo-*dombeyi*. Este periodo inestable también favoreció el desarrollo de incendios, muy comunes durante esta época. El ensamble polínico característico fue Poaceae- Apiales- *N.tipo-dombeyi*. Entre 1675 y 1840AD la humedad relativa disminuyó, aunque sin afectar a las especies arbóreas, el ensamble polínico dominante fue Poaceae- *Berberis*- *N.tipo-dombeyi*. A partir de 1840AD, hasta el presente, se registró un aumento de las herbáceas dentro de la cuenca, probablemente debido a los animales exóticos introducidos durante siglo XX para fines ganaderos. El ensamble que caracterizó a este periodo fue Asteraceae- Poaceae- *Berberis*- *N. tipo-dombeyi*.

Agradecimientos: AT-24100176, Conservación Patagónica, proyectos FONDECYT N° 1110719 y CONICYT-SER01.

76. ANÁLISIS DE TENDENCIAS CLIMÁTICAS EN LA ÚLTIMA DÉCADA EN EL NORTE DE LA ISLA DE CHILOÉ, CHILE (Climatic trends during the last decade in northern Chiloé island, Chile).

Vio-Garay, M. F.¹, Silva, W.^{1, 2}, Julia, C.³, Carmona, M.^{1, 2}, Celis-Díez J. L.^{1, 2}, Díaz, M. F.⁴ & Armesto, J. J.^{1, 2}

¹ Pontificia Universidad Católica de Chile.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad, Santiago.

³ CEAZA, La Serena.

⁴ UNAB, Santiago.

Los modelos de cambio climático para la región centro-sur de Chile predicen una reducción de las precipitaciones de verano y leves cambios en las temperaturas medias. Analizamos los registros de temperatura y precipitación entre 1999 y 2010 de la Estación Biológica Senda Darwin (41°53'S, 73°40'W), en el norte de la isla de Chiloé, con el fin de evaluar estas predicciones. Comparamos estos datos con el registro incompleto de una localidad cercana, Pupelde (41°54'S, 73°48'W; 1975-1985). Las temperaturas medias de verano y otoño aumentaron levemente hacia el final del período. La temperatura mínima se incrementó a partir de 2004. Las medias anuales de temperatura fueron similares a las de Pupelde, mientras que la precipitación media anual (2020 mm) disminuyó ~30%. La proporción de precipitaciones mensuales y estacionales se mantuvo constante. A pesar de que estas tendencias deben ser revisadas en un período más largo, estos registros son de gran valor como referencia para la evaluación de la variabilidad climática a escala decadal y para proveer datos que permitan ajustar los modelos generados a mayor escala (continental o global). Actualmente, este es el único registro instrumental vigente a los 42°S en Chile.

77. DEMOGRAFÍA DE DOS ESPECIES INVASORAS: ARISTOTELIA CHILENSIS Y RUBUS ULMIFOLIUS EN CLAROS DEL BOSQUE NATIVO EN LA ISLA ROBINSON CRUSOE (Demography of two invasive species: *Aristotelia chilensis* and *Rubus ulmifolia* in gaps of the native forest on Robinson Crusoe island).

Castillo, J., Smith-Ramírez C., Arellano, G., Mora, J., & Gutiérrez, H. Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile.

Los bosques nativos del Archipiélago de Juan Fernández presentan un alto endemismo en su biodiversidad, estando amenazados por la invasión de dos especies exóticas; maqui (*Aristotelia chilensis*) y mora (*Rubus ulmifolius*), las cuales se establecen en claros del bosque, reemplazando a especies nativas. Se determinaron las tablas de vida y curvas de supervivencia de ambas especies invasoras, información importante para establecer estrategias de restauración. El banco de semillas de maqui (2013,78 ± 328,49 semillas/100m²) fue significativamente menor que el de mora (253106 ± 41837 semillas/100m²). La tasa de mortalidad (q_x) en la fase de germinación y establecimiento de las plántulas fue la más alta (maqui: $q_x=0,93$, mora: $q_x=0,99$), siendo mayor la fuerza de mortalidad (k_x) en mora ($k_x=3,21$) que en maqui ($k_x=1,17$). La densidad de plántulas de maqui (137,42 ± 31,51 individuos/100m²) no difirió a la de mora (155,25 ± 34,74 individuos/100m²), al igual que la densidad de juveniles (maqui: 17,34 ± 6,86 individuos/100m²; mora: 31,10 ± 9,13 individuos/100m²). La densidad de adultos fue de 8,33 individuos/100m² para maqui y 28 individuos/100m² para mora. Las curvas de supervivencia se asemejan al tipo II para maqui y tipo III para mora.

Agradecimientos IEB, CONAF.

78. EFECTO DE *TURDUS FALCLKANDII* SOBRE LA GERMINACIÓN DE LAS SEMILLAS DE *UGNI MOLINAE*, ARBUSTO INVASOR EN LA ISLA ROBINSON CRUSOE (Effect of *Turdus falcklandii* on seed germination of *Ugni molinae*, an invasive plant on Robinson Crusoe island).

Mora, J. P.¹, Smith-Ramírez¹, C., & Coopman, R. E.²

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

² Instituto de Silvicultura, Universidad Austral de Chile.

Los arbustos invasores más abundantes de la isla Robinson Crusoe (RC) presentan frutos carnosos dispersados por zorzal (*Turdus Falcklandii*). Uno de estos es la murta (*Ugni molinae*). El objetivo de este trabajo fue caracterizar la germinación de semillas de murta pasadas y no pasadas por el tracto digestivo del zorzal. En mayo 2011 colectamos en RC semillas defecadas y no defecadas, con las cuales se realizó un análisis de germinación en cámara (4 réplicas con n=30). Determinamos el tiempo de inicio de la germinación (T_0), el requerido para alcanzar el 50% (T_{50}) y el porcentaje final de germinación (PF). La germinación se inició antes en las no defecadas (17 respecto 24 días). T_{50} no presentó diferencias entre tratamientos. El PF de las no defecadas fue superior al de las defecadas (64 y 94%, respectivamente). Nuestros datos indican que el paso por el tracto digestivo del zorzal retrasa y disminuye la capacidad germinativa de murta, probablemente por tratarse de una semilla recalcitrante. Estos resultados pueden tener consecuencias en el establecimiento de esta invasora en la isla RC, y en la toma de decisiones sobre control poblacional de zorzal, como dispersor de especies invasoras.

79. EVALUACIÓN DE RIESGO DE MALEZAS EN CHILE: VALIDACIÓN Y SU RELACIÓN CON EL RANGO DE DISTRIBUCIÓN Y TIEMPO DE RESIDENCIA (Weed risk assessment in Chile: validation and its relationship with distribution ranges and residence times).

Fuentes, N.¹ Pauchard, A.¹ & Saldaña, A.²

¹ Laboratorio de Invasiones Biológicas (LIB), Universidad de Concepción. Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

² Departamento de Botánica, Universidad de Concepción.

The Australian Weed Risk Assessment (AWRA) is used to evaluate alien plants prior its introduction, and as a tool for prioritization management of invasive plants. We aim *i*) to validate the AWRA as a tool to predict invasive potential of alien plants established in Chile, and *ii*) to evaluate whether alien plants having high AWRA are those with higher residence time (RT) and larger geographical extent (latitudinal and altitudinal). From the 386 alien plants analyzed by the AWRA, 3 were accepted, 30 required further evaluation, and 353 rejected. Expert classification differ significantly in the average AWRA score of the species that belongs in each group ($F = 12.17$; $P < 0.001$), being *serious weed* and *principal weed* categories with higher AWRA ($P < 0.05$). Expert classification did not significantly differ in the average value of RT among groups. There is a significant positive trend in the relationship between the latitudinal range and AWRA, and to a lesser extent with RT. The relationship between AWRA and RT was not significant. The AWRA successfully predicted the current distribution of alien plants established in Chile.

Acknowledgments: ICM P05-002, PFB-23.

80. DETECCIÓN DE PATRONES TEMPORALES DE LA VEGETACIÓN EN LA ISLA GRANDE DE CHILOÉ (Temporal detection Patterns of vegetation patterns at the Chiloé Island).

Lara¹ C., Paredes¹ A., Miranda¹ M. & Iriarte² J. L.

¹ Departamento de Ecosistema y Medio Ambiente, Pontificia Universidad Católica.

² Instituto de Acuicultura, Universidad Austral de Chile. Centro de Investigación en Ecosistemas de la Patagonia (CIEP).

La capacidad de respuesta de las comunidades vegetaciones a variables climáticos (T°, precipitaciones) y perturbaciones humanas (uso del suelo, regímenes de fuego) es clave para entender el funcionamiento y estructura de estas. El objetivo de este estudio fue determinar la presencia de patrones/ciclos temporales de comunidades vegetacionales de la Isla Grande de Chiloé (41°S), mediante análisis de Wavelet, a través de la relación del índice de vegetación NDVI y la Temperatura Superficial de la Tierra (TST) para evaluar el impacto del cambio de uso de suelo sobre la diversidad biológica. La información fue extraída desde imágenes satelitales MODIS-TERRA para el período 2000-2011. La Isla Grande de Chiloé fue dividida en dos zonas (Este, Oeste) y, para cada zona e imagen, se promedió el valor de NDVI (n = 262) y TST (n = 522) para realizar el análisis de Wavelet. Las máximas correlaciones estacionales entre ambas variables fueron señaladas para la zona Oeste, la cual se caracteriza por presentar alta productividad primaria y una relación positiva con variables ambientales energéticas (radiación, nubosidad). La zona Este señaló menores valores de NDVI y menores índices de correlación con la TST, sugiriendo una modulación dominada por intervención antropogénica.

81. EVALUACIÓN DE LOS PATRONES DE DISTRIBUCION ESPACIAL DE ULEX EUROPAEUS EN LA REGIÓN DE LOS RÍOS.

Cely, P., Altamirano A., Miranda, A.

Laboratorio de Análisis Cuantitativo de Recursos Naturales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Universidad de La Frontera.

Las invasiones biológicas han causado profundos e irreparables cambios en los ecosistemas de todo el mundo. *Ulex europaeus* es una leguminosa arbustiva considerada invasora en varios países del mundo, incluido Chile, donde representa una amenaza a actividades económicas, y a la biodiversidad como un potencial generador de cambio en ecosistemas naturales. Este trabajo evaluó los patrones de distribución espacial de la invasión. Mediante la clasificación supervisada de imágenes satelitales Landsat de los años 1983 y 2003 se determinó la distribución espacial de la especie para ambos años; por medio de modelación estadística se relacionó el incremento de la invasión con variables de paisaje de tipo climático, topográfico y antrópico. Se evidencia un aumento en las superficies ocupadas por la especie, teniendo relación con variables de tipo antrópico como red vial y actividades silvoagropecuarias, donde a menor distancia de caminos y plantaciones forestales hay una mayor probabilidad de invasión. Los resultados sugieren que ante una mayor antropización del paisaje existe mayor riesgo de infestación, convirtiéndose los caminos en una eficiente vía de dispersión, e implicando que áreas susceptibles tengan más tendencia a ser ocupadas con éxito por el invasor que regeneradas a través de la sucesión.

82. EFECTO DE LA QUEMA DE COMBUSTIBLE NATIVO SOBRE LA EMERGENCIA DE ESPECIES DESDE EL BANCO DE SEMILLAS, Y LA GERMINACIÓN DE LA ESPECIE INVASORA ACACIA DEALBATA LINK (Effect of native fuel burning on the species emergency from the seed bank and the invasive species *Acacia dealbata* Link).

Valencia, G., Cavieres, L. A. & Pauchard, A.

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

Acacia dealbata (Fabaceae) es un árbol invasor en Chile cuya germinación es favorecida por el fuego. En Chile central, debido a la acción antrópica, los incendios forestales se han vuelto cada vez más frecuentes, pudiendo potenciar la invasividad de la especie y afectar de manera negativa la germinación de las especies nativas. No obstante, podrían existir ciertas características del combustible nativo que podría alterar la respuesta favorable al fuego de esta especie invasora. Para evaluar la respuesta germinativa de *A. dealbata* y de las otras especies del banco de semillas, expuestas a la quema de combustible nativo, se realizaron experimentos con y sin fuego. En cada condición se cuantificó el porcentaje de germinación de *A. dealbata* y el número de otras especies que germinó. Los resultados muestran que la quema de combustible nativo favorece la germinación de *A. dealbata*. En cuanto al resto de las especies, se ven favorecidas principalmente las introducidas, en contraste con las nativas. Por lo tanto, la quema de combustible nativo podría promover la invasión de *A. dealbata*.

Agradecimientos: Fondecyt 1070488, ICM P05-002 y PFB-23.

83. REMOCIÓN EXPERIMENTAL DE UNA PLANTA EXÓTICA: CONSECUENCIAS SOBRE LA TOPOLOGÍA DE REDES PLANTA-POLINIZADOR (Experimental removal of an exotic plant: consequences on the topology of plant-pollinator networks).

Carvalho, G. O.^{1,2}, Navarro, L.³, Medel R.¹

¹ Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Casilla 653, Santiago, Chile.

² Dirección actual: Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. Av. Universidad 330, Curauma-Placilla, Valparaíso, Chile. E-mail: gcarvallob@gmail.com

³ Departamento de Biología Vegetal y Ciencias del Suelo, Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo. Campus As Lagoas-Marcosende 36200-Vigo, España.

Las interacciones planta-polinizador pueden ser analizadas usando teoría de redes, permitiendo evaluar teóricamente el impacto de la remoción de especies exóticas desde comunidades. Sin embargo, no existen trabajos que remuevan experimentalmente especies exóticas y evalúen los impactos sobre la topología de las redes de interacción. Nosotros cuantificamos los efectos de la remoción de la planta exótica *Echium vulgare* (Boraginaceae) sobre redes planta-polinizador obtenidas en tres parcelas experimentales en la localidad de Termas de Chillán, Chile central. Se cuantificó el número de aproximaciones de los polinizadores a las plantas en cuadrantes de 1 x 2 m en períodos de observación de 5-min, antes y después de la remoción de *E. vulgare*. Con esta información construimos matrices de interacción sobre las que se estimaron estadígrafos que describen la topología de las redes, los cuales fueron comparados entre la condición previa/posterior a la remoción. Nuestros resultados evidencian una disminución en la diversidad de polinizadores y de las interacciones tras la remoción. El número de enlaces, la conectancia y la asimetría de la red presentaron cambios entre ambas condiciones. Sin embargo, el anidamiento, el nivel de especialización y el número de módulos no difirieron entre las condiciones contrastadas. Estos resultados indican que a pesar que las especies reorganizan sus enlaces, algunas propiedades de las redes se mantienen invariantes. Se discuten estos resultados en relación a los obtenidos con simulaciones teóricas y se enfatiza la importancia de esta aproximación en la evaluación de planes de erradicación de especies exóticas.

Agradecimientos: CONICYT TTD 23100127; Proyecto ACT 34/2006 (Chile); Proyecto AECI A/9717/07 (España).

84. FACILITACIÓN DE UNA PLANTA INVASORA ANUAL POR UNA ESPECIE DE CACTUS ENDÉMICO EN EL DESIERTO DE ATACAMA (Facilitation of an invasive annual plant by an endemic cactus species in the Atacama Desert).

Madrigal-González, J.¹; Cea, A. P.²; Sánchez-Fernández, L. A.²; Martínez-Tillería, K. P.²; Calderón, J. E.²; Gutiérrez, J. R.^{1,2,3}

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad(IEB).

² Universidad de La Serena.

³ Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Universidad de La Serena.

La facilitación por plantas nativas puede ser relevante para explicar el establecimiento de plantas invasoras no nativas en ecosistemas desérticos. Evaluamos la asociación espacial entre el cactus endémico del Desierto de Atacama, *Eulychnia acida* var *procumbens* y la hierba anual invasora, *Mesembryanthemum*

crystallinum. Se detectó una asociación espacial significativa de *M. crystallinum* y el cactus. La biomasa individual sobre el suelo de *M. crystallinum* fue en promedio cuatro veces más alta bajo la influencia de *E. acida*. Se demostró que había competencia interespecífica significativa entre las plantas nativas a través de análisis de coocurrencia. *M. crystallinum* es una de las pocas especies que ocurre bajo la influencia de *E.acida*. Los suelos bajo *E. acida* tienen significativamente más disponibilidad de nutrientes (N, P, K) y contenido de agua, pero también salinidad más alta. Los resultados apoyan la hipótesis de que una especie nativa facilita el establecimiento de una especie exótica a través de proporcionar un ambiente más benigno e indirectamente al eliminar las especies competidoras nativas.

Financia IEB y FONDECYT 1110228.

85. DIFERENCIAS MORFOLÓGICAS DE SEMILLAS Y PLÁNTULAS DE QUILLAJA SAPONARIA Y MAYTENUS BOARIA EN EL GRADIENTE LATITUDINAL DE SU DISTRIBUCIÓN (Differences on seed and seedling morphology of *Quillaja saponaria* and *Maytenus boaria* along their distribution latitudinal gradient).

Parada, T., Silva, S., Cortés D., Smith C., León, P.
Banco Base de Semillas, INIA.

Se estudiaron los patrones de variación interpoblacional en características morfológicas de semillas y plántulas, a lo largo del gradiente de distribución latitudinal de *Quillaja saponaria* y *Maytenus boaria*. Para ello, en otoño 2010, recolectamos semillas 8 poblaciones de *Q. saponaria* y 10 de *M. boaria*, especies elegidas por su amplio rango de distribución en Chile e importancia comercial. Detectamos que existe correlación entre el tamaño de semilla con el gradiente norte-sur para ambas especies ($p < 0,00$). Hacia el límite sur, las semillas *Q. saponaria* tienden a ser más pequeñas; en cambio en *M. boaria* las semillas tienden a ser más grandes. El porcentaje de emergencia de plántulas mostró diferencias interpoblacionales significativas para *M. boaria* ($p < 0,000$) y *Q. saponaria* ($p = 0,0016$). Actualmente estamos investigando el comportamiento de estas semillas y plántulas bajo sequía. Se discute la implicancia de los resultados en el ámbito de la restauración ecológica bajo el actual escenario de cambio climático. Si establecemos una relación entre el origen y morfología de las semillas y el desempeño bajo estrés hídrico, podemos proponer el uso del germoplasma con mayor probabilidad de supervivencia en programas de restauración ecológica de zonas mayormente afectadas por la sequía.

Agradecimientos: Fondecyt 1100941; Proyecto Centro de Recursos Biológicos Públicos INIA; Millennium Seed Bank, RBG Kew, Arcadia Foundation.

86. RESTAURACIÓN PASIVA DEL BOSQUE SIEMPREVERDE BAJO COBERTURA DE PLANTACIONES DE *EUCALYPTUS GLOBULUS*, EN LA CORDILLERA DE LA COSTA DE VALDIVIA, CHILE (Passive restoration of broadleaved the evergreen forest underground *Eucalyptus globules* plantations, in the Coastal Range of Valdivia, Chile).

Cortés, M. Lara, A. Romero, M. González, M.
Universidad Austral de Chile.

Los bosques siempreverdes en Chile ocupan una extensión de 4.148.904 hectáreas, principalmente, entre las regiones VIII y XII. Estos ecosistemas boscosos son relevantes, por sus endemismos, su alta diversidad biológica y la multiplicidad de servicios ecosistémicos que proporcionan.

En la actualidad en la cordillera de la Costa de Valdivia, estos bosques se encuentran muy fragmentados, debido a los diferentes impactos antropogénicos incluyendo incendios, madereo, pastoreo y recientemente el establecimiento de plantaciones de *Pinus radiata* y *Eucalyptus globulus*.

El principal objetivo de este trabajo, fue evaluar la restauración pasiva de algunas especies nativas del bosque siempreverde bajo diferentes coberturas en plantaciones de *Eucalyptus globulus*, en la cordillera de la Costa de Valdivia. Se establecieron 4 parcelas rectangulares de 150 m² y 82 circulares de 1 m², cada una de ellas, a diferentes niveles de altitud. En cada una de ellas se evaluó la diversidad florística, además la densidad y cobertura de cada especie arbórea, de acuerdo a su estado de desarrollo (adulto, brinjal y plántulas).

Se concluye que en plantaciones de *Eucalyptus globulus* con coberturas de copas medias a bajas permiten una mayor diversidad de especies, además del establecimiento de algunas especies arbóreas de los bosques siempreverdes.

Patrocinante: Antonio Lara

87. ABUNDANCIA, DISPERSIÓN Y SOBREVIVENCIA DE *CEROGLOSSUS CHILENSIS* (COLEOPTERA) EN PLANTACIONES DE PINO: ¿DEPENDEN DEL SOTOBOSQUE? (Abundance, movement and survival of *Ceroglossus chilensis* (Coleoptera) in pine plantations: are dependent on the understory?).

Cerda, Y.¹, Grez, A. A.¹, Simonetti, J. A.²

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

² Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La fauna nativa podría utilizar las plantaciones forestales con sotobosque desarrollado como hábitat alternativo o corredores entre remanentes de vegetación original. *Ceroglossus chilensis* utiliza plantaciones de pino que fragmentan el bosque maulino, su hábitat original. Nosotros evaluamos si la dispersión y sobrevivencia explicarían su mayor abundancia en plantaciones con sotobosque desarrollado en comparación con plantaciones con escaso desarrollo del sotobosque. En 18 parcelas de 1.600 m², con alta y baja cobertura de sotobosque evaluamos la abundancia de *C. chilensis* (individuos/ trampas Barber), dispersión (seguimiento visual de trayectorias) y sobrevivencia (días sobrevividos por individuos marcados). La abundancia de *C. chilensis* es mayor en plantaciones con sotobosque. La dispersión (distancia total recorrida) es menor en plantaciones con sotobosque mientras la sobrevivencia es independiente de la cobertura de sotobosque. Por lo tanto, la mayor abundancia de

C. chilensis en plantaciones con sotobosque denso se explicaría por su conducta de movimiento, favoreciendo una mayor permanencia en este tipo de plantaciones. Las plantaciones forestales con sotobosque podrían ser una oportunidad para la conservación de *C. chilensis*.

FONDECYT 1095046, Programa Domeyko-Biodiversidad, Universidad de Chile.

88. USO DEL HÁBITAT POR COCCINÉLIDOS NATIVOS Y EXÓTICOS EN UN PAISAJE AGRÍCOLA (Habitat use by native and exotic coccinellids in an agricultural landscape).

Castillo-Serey F.¹, Grez A. A.¹ & Zaviezo T.²

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

² Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, P. Universidad Católica de Chile.

Los paisajes agrícolas son mosaicos, constituidos por cultivos, vegetación nativa y áreas destinadas a otros usos. A pesar de las frecuentes perturbaciones a las que están sujetos estos paisajes, ellos pueden preservar hábitat para especies nativas, ayudando así a la conservación de la biodiversidad. Estudiamos entre primavera y otoño los coccinélidos asociados a cajas de ríos, bosquetes de eucaliptos, trigo, frutales, hileras de vegetación arbórea, matorral esclerófilo, vid y zarzamora, con 5 réplicas. Colectamos 4001 coccinélidos de 24 especies, 9 nativas (n = 2598) y 9 exóticas (n = 1403). La mayor abundancia relativa de especies nativas se encontró en el matorral, bosque de eucaliptos y la menor en trigo, vid y caja de ríos. Las especies variaron en su abundancia en los distintos hábitat, con *Heterodiomus marchali* (nativa) y *Clitostethus arcuatus* (exótica) más abundantes en matorral, *Psyllobora picta* y *Adalia deficiens* (nativas) en hileras de vegetación, *Cycloneda fulvipennis* y *Scymnus bicolor* (nativas) en zarzamosas y *Eriopsis connexa* (nativa) e *Hippodamia variegata* (exótica) en trigo. En cuanto a la similitud del ensamble de coccinélidos (Distancia Euclidea) considerando el período completo de estudio, el matorral se separa de los demás hábitats. Estos resultados confirman que las distintas estructuras del paisaje agrícola, incluyendo los cultivos, también son hábitat para especies nativas. Un adecuado manejo del paisaje puede contribuir a su conservación.

FONDECYT 1100159.

89. DENSIDAD DE *CEROGLOSSUS CHILENSIS* (COLEOPTERA: CARABIDAE) EN EL BOSQUE MAULINO FRAGMENTADO: ROL DE FACTORES MICROCLIMÁTICOS, BIÓTICOS Y DE PAISAJE (Population density of *Ceroglossus chilensis* (Coleoptera: Carabidae) in the fragmented Maulino forest: role of microclimatic, biotic and landscape factors).

Donoso, D. S.¹, Grez, A. A.²

¹ Facultad de Ciencias.

² Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias.

El bosque Maulino subsiste como fragmentos pequeños y aislados rodeados por plantaciones de pino y es conservado en solo dos Reservas. *Ceroglossus chilensis*, carábido endémico de los bosques de *Nothofagus*, alcanza mayores densidades en los fragmentos de bosque maulino que en el bosque continuo y en las plantaciones de pino. Esto puede deberse a cambios en factores microclimáticos, bióticos y de paisaje, los que pueden estar correlacionados. Para determinar la proporción de la variación en la densidad de *C. chilensis* explicada por cada grupo de variables por separado y en conjunto utilizamos el método de partición de la variación. La riqueza de árboles, la cobertura de laurel y lingue en el sotobosque y la densidad de bordes se relacionaron positivamente con la densidad mientras que la humedad del suelo se relacionó negativamente. El efecto del microclima fue modulado por el hábitat y la estacionalidad. Los efectos conjuntos del hábitat, el paisaje y los factores bióticos explicaron mayor variación que por separado. Esto indica que los cambios provocados por la fragmentación son complejos pudiendo ser las interacciones entre variables y procesos más importantes en explicar los patrones observados.

DIMULT06/22-2, FONDECYT1095046, Programa Domeyko en Biodiversidad IT III.

90. ÉXITO REPRODUCTIVO DE *ARISTOTELIA CHILENSIS* MEDIADO POR CAMBIOS EN SUS POLINIZADORES EN BOSQUES FRAGMENTADOS (Reproductive success of *Aristotelia chilensis* mediated by changes in pollinators in fragmented forests).

Allendes, J. L.¹, Valdivia, C. E.², Simonetti, J. A.¹

¹ Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Departamento de Ciencias Básicas, Universidad de Los Lagos.

La fragmentación del hábitat afecta directamente la polinización al reducir la riqueza y abundancia de los polinizadores. Además, podría afectarla indirectamente al modificar la conducta de los polinizadores si estos enfrentan mayores riesgos de depredación en ambientes fragmentados. Nosotros evaluamos experimentalmente los efectos de las aves insectívoras sobre la insectivoría, riqueza y abundancia de insectos polinizadores, polinización y éxito reproductivo de *Aristotelia chilensis* en fragmentos de bosque maulino. La abundancia de aves insectívoras es mayor en fragmentos de bosque al igual que la insectivoría (riesgo de depredación), pero ello no reduce la riqueza o abundancia de polinizadores. El aumento en insectivoría tampoco afecta la frecuencia de visitas de polinizadores. Sin embargo, al remover experimentalmente las aves insectívoras, se incrementa el tiempo de visita de los polinizadores a las flores, traducido en éxito reproductivo neto mayor. Cambios en insectívoros producto de la fragmentación afectan indirectamente los servicios de polinización, lo cual podría ser un fenómeno general para otras especies de árboles en bosques fragmentados.

FONDECYT 1050745.

91. COMPLEJIDAD ESTRUCTURAL DE PLANTACIONES FORESTALES Y DIVERSIDAD DE ARTRÓPODOS TERRESTRES (Structural complexity of forestry plantations and terrestrial arthropod diversity).

Uribe, D. E., Gómez, N., Simonetti, J. A.

Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

El Plan Estratégico 2011-2020 del Convenio sobre la Diversidad Biológica contempla que las zonas destinadas a silvicultura deberían gestionarse de manera de asegurar la conservación de la biodiversidad. Un mecanismo propuesto para lograr este objetivo es manejar plantaciones estructuralmente complejas. Esta propuesta se basa en incrementos en riqueza y abundancia de aves y mamíferos en plantaciones complejas comparadas con plantaciones simples. En este marco, nosotros analizamos si este fenómeno ocurre también en los artrópodos terrestres. Para ello, revisamos información de 269 casos de estudio sobre la riqueza y abundancia de 24 órdenes de artrópodos en plantaciones. Sin embargo, solamente siete órdenes tienen un mínimo de información para ser analizado estadísticamente. La riqueza de especies de Hymenoptera aumenta en plantaciones estructuralmente complejas, al igual que la abundancia de Diptera y Hemiptera. La abundancia de Coleoptera no varía entre plantaciones simples y complejas. Otros taxones presentan un tamaño de muestra insuficiente para realizar contrastes estadísticamente potentes. Así, pese a que los artrópodos representan 87% de la fauna conocida, la escasa información disponible impide determinar el impacto de las medidas sugeridas para manejar en forma sustentable la biodiversidad sobre los artrópodos en plantaciones y con ello satisfacer los objetivos del Convenio de Diversidad Biológica.

FONDECYT 1095046, Programa Domeyko-Biodiversidad, Universidad de Chile.

92. SISTEMAS AGROFORESTALES COMO HÁBITAT DE HERPETOZOOS: ¿EXISTE EVIDENCIA DE APOYO? (Agroforestry systems as habitat for herpetofauna: is there supporting evidence?).

Palacios, C. Agüero, B. & Simonetti, J. A.

Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La conservación de biodiversidad fuera de áreas protegidas requiere evitar, minimizar o mitigar impactos de la transformación del hábitat sobre la biota. Por lo general, las plantaciones forestales tienen menos especies que el bosque original que reemplazan. Sin embargo, plantaciones estructuralmente complejas suelen soportar una mayor cantidad de especies e individuos de aves y mamíferos que plantaciones más simples. Nosotros analizamos si este fenómeno ocurre también en anfibios y reptiles, examinando la información sobre su riqueza y abundancia en bosques y plantaciones forestales de 12 países con 65 estudios de casos. La riqueza de especies de anfibios es menor en plantaciones pero la riqueza de reptiles no difiere significativamente. La abundancia de reptiles aumenta en las plantaciones. Solo tres estudios analizan herpetozoos en función de la complejidad estructural de las plantaciones, los que sugieren que la riqueza y abundancia de especies es mayor en plantaciones complejas. Pese a que representan el 50% de los vertebrados terrestres, los herpetozoos cuentan solo con el 15% de las investigaciones disponibles sobre el impacto de las plantaciones en vertebrados, por lo que la deficiencia de información dificulta la toma de decisiones sobre su conservación fuera de áreas protegidas.

Fondecyt 1095046 & Programa Domeyko-Biodiversidad (IT3), Universidad de Chile.

93. DISPERSIÓN DE COCCINÉLIDOS EN UN PAISAJE AGRÍCOLA: APROXIMACIÓN MEDIANTE INMUNOMARCAJE (Coccinellids dispersal on an agricultural landscape: approach using an immunomarking method).

Rodríguez C. M.¹, Grez A. A.¹, Saenz L. E.¹ & Zaviezo T.²

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

² Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Universidad Católica de Chile.

Los coccinélidos cumplen un rol importante como controladores de plagas. Comprender su dispersión entre distintos elementos del paisaje es crucial en el control biológico de conservación. Para seguir la dispersión de insectos en el campo, se ha desarrollado una técnica de marcaje mediante proteínas de bajo costo. En este trabajo usamos ovoalbúmina (huevo deshidratado diluido en agua) como marcador para estimar la dispersión de coccinélidos entre un campo de alfalfa y su borde. Inicialmente, en el laboratorio se afinó la técnica. En campo, se asperjó el marcador en un borde de árboles y al día siguiente, se pusieron trampas pegajosas georreferenciadas en el alfalfal, a distintas distancias del borde. Se colectaron 240 coccinélidos adultos, de las especies *Hippodamia variegata*, *Hippodamia convergens* y *Harmonia axyridis*, detectándose la marca mediante ELISA en el 6,3% de ellos, ubicados hasta 130 m del borde. Nuestros resultados corroboran la eficiencia de esta técnica para el estudio del movimiento de coccinélidos en paisajes agrícolas y demuestran que existe un movimiento desde los bordes hacia la alfalfa. Actualmente estamos realizando un estudio similar con leche (caseína) como marcador, para estudiar el movimiento desde la alfalfa a los bordes.

FONDECYT 1100159.

94. EFECTO DE LA IMPLEMENTACIÓN DE ÁREAS DE MANEJO SOBRE LA ABUNDANCIA DE *FISSURELLA* SPP. EN ÁREAS DE LIBRE ACCESO (Effects of management areas on abundance of *Fissurella* spp. In open access areas).

Steel A., Fernández M., Vidal F., Parma A., Barahona N., Guerra J. Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

Desde la implementación de las Áreas de Manejo y Explotación de Recursos Bentónicos (AM) varios estudios han demostrado que (1) la abundancia de recursos bentónicos en AM es significativamente mayor que áreas de libre explotación y (2) la diversidad de especies en áreas de libre explotación es menor que la reportada en AM y zonas protegidas marinas. Esto ha conducido a valorar el rol de las AM como instrumento de manejo sustentable. Sin embargo, es altamente probable que el notable deterioro de áreas de libre explotación este relacionado aumento en el número de AM y la subsecuente redistribución del esfuerzo pesquero. Datos de captura y esfuerzo dentro y fuera de AM disponibles de la base de datos de seguimiento bentónico y de agrupaciones de pescadores artesanales fueron analizados para el recurso lapa (*Fissurella* sp.) en Chile central. Nuestros análisis demuestran que la abundancia de *Fissurella* spp. en áreas de libre acceso exhibe caídas en abundancia más abruptas a partir del establecimiento de AM, mientras que la abundancia del mismo recurso aumenta en AM. Estos resultados cuestionan el establecimiento de medidas de manejo con fiscalización dispar y sugieren la necesidad de establecer urgentes medidas de manejo para áreas abiertas.

FONDECYT. Agradecimientos al Centro de Conservación Marina.

95. ECOLOGÍA, DISTRIBUCIÓN Y ESTADO DE CONSERVACIÓN DE *MYRCIANTHES COQUIMBENSIS*: UN ARBUSTO ENDÉMICO Y EN PELIGRO DE EXTINCIÓN DEL DESIERTO COSTERO CHILENO (Ecology, distribution and conservation status of *Myrcianthes coquimbensis*: An endemic endangered shrub of the Chilean coastal desert).

García-Guzmán, P.^{1, 2}, Loayza, A. P.¹, Carvajal, D. E.^{1, 2} & Squeo F. A.^{1, 2, 3}

¹ Depto. Biología, Universidad de La Serena, Chile.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB) Chile.

³ Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA) Chile. patricio.garcia.guzman@gmail.com

Myrcianthes coquimbensis es un arbusto endémico de la región de Coquimbo (Chile) y se encuentra en peligro de extinción. Sin embargo, muy poco se sabe de aspectos básicos de su ecología y de sus amenazas. El objetivo de este trabajo fue entregar los primeros conocimientos de su distribución geográfica, parámetros poblacionales y reproductivos y amenazas en su rango de distribución. Mediante registros históricos y muestreos en 110 localidades se caracterizó su distribución. Se establecieron parcelas para estimar el tamaño y estructura poblacional y se determinó la proporción de individuos en floración y reclutamiento. Finalmente se determinaron los niveles de depredación post-dispersión de semillas en una localidad. La distribución actual de *M. coquimbensis* se extiende por 82,8 Km a través de la costa, donde se encuentra amenazado principalmente por la pérdida de hábitat. Solo un 13% de los individuos florecieron durante el 2010 y un 66% de estas plantas perdieron enteramente sus flores debido a desecación. Solo un 7,5% de semillas se perdieron por depredación post-dispersión. La población se compuso principalmente por individuos adultos (70%) y se observó poco o nulo reclutamiento. Las poblaciones de esta especie se encuentran amenazadas por la pérdida de su hábitat y no reclutan naturalmente por reproducción sexual. De este modo, resulta urgente la necesidad de más estudios sobre la ecología de la especie para el diseño de planes de manejo y conservación efectivos.

Patrocinio: F. A. Squeo.

Proyecto ICM-MIDEPLAN (P05-002), CONICYT (PFN-23), MMA Coquimbo.

96. DEMOGRAPHIC ANALYSIS REVEALS PRECARIOUS STATUS OF A REMNANT POPULATION OF *CROCODYLUS ACUTUS* IN PORTETE BAY (COLOMBIA, GUAJIRA).

Espinosa, M., Bertin A., González, J. Mejía, F. Guerra, M. Báez, L. Gouin, N., Patiño, E.
Bahía Portete, Alta Guajira, Colombia.

As true for most large predators, the American crocodile, *Crocodylus acutus*, has experienced important population declines worldwide due to human persecution, overexploitation and habitat loss. While some populations are now showing signs of recovery in various parts of the world, *C. acutus* remains critically endangered in some countries such as Colombia where the lack of detailed surveys on its ecology and distribution constitutes a major barrier to the development of effective conservation strategies. We conducted a three-year capture-recapture study to investigate the demographic status of *C. acutus* and to identify environmental variables likely to influence its distribution in Portete Bay (Colombia), a crocodile conservation unit of high priority in Caribbean South America. We estimated the crocodile population to be relatively small (<140 animals), to include very few adults, and to demonstrate a very strong deficit in females in the juvenile class. Both mean air temperature and relative humidity were positively correlated with the number of sightings. In contrast, mean water salinity was found to decrease the probability of observing a crocodile, presumably due to juvenile preference for low salinity areas. Our findings suggest that the population of *C. acutus* in Portete Bay is at risk and may require human intervention to assure its persistence.

97. *BOTRYCHIUM DUSENII* (H. CHRIST) ALSTON (OPHIOGLOSSACEAE) ASOCIADO A AMBIENTES ANTROPOGÉNICOS EN LA PROVINCIA DE COYHAIQUE, REGIÓN DE AYSÉN, CHILE (*Botrychium dussenii* (H. Christ) Alston (*Ophioglossaceae*) associated to human-disturbed environments in Coyhaique province, Aysén Region, Chile).

Bravo, P.¹, Peñailillo, P.² & Fajardo, A.³

¹ Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Talca.

² Instituto de Biología Vegetal y Biotecnología, Universidad de Talca.

³ Centro de Investigación en Ecosistemas de la Patagonia (CIEP).

En Chile existe escasa información sobre el hábitat de *Botrychium dussenii*, pero se sabe que especies del hemisferio norte se adaptan a los ambientes perturbados. Los objetivos de este trabajo fueron determinar la presencia y caracterizar el hábitat de este helecho en 7 formaciones vegetacionales (bosque maduro y secundario de lenga, matorral subalpino, pradera y plantaciones de pino contorta, silvestre y ponderosa) de la Prov. de Coyhaique.

Se registró la presencia de este helecho en cada formación, realizando 20 cuadrículas de 1 m² a lo largo de un transecto lineal; además se caracterizó el sustrato y su flora acompañante.

B. dussenii apareció en praderas abiertas asociado a suelo mineral-vegetación y acompañado por numerosas hierbas introducidas. En el matorral subalpino se encontró mayoritariamente en suelo mineral-madera, acompañado de un estrato arbustivo y hierbas nativas. Ambas formaciones presentaban vestigios de incendios de origen antrópico que se dieron en el pasado. Estos resultados sugieren que la ocurrencia de *B. dussenii* podría estar

sujeta a perturbaciones provocadas por incendios sobre el bosque caducifolio de lenga de Aysén.

Patrocinio: Dr. Patricio Peñailillo
Proyecto Fortalecimiento SS-2008-10 (CIEP).

98. ¿PODEMOS COSECHAR SUSTENTABLEMENTE EL MUSGO *SPHAGNUM MAGELLANICUM* (BRID.) EN TURBERAS DE LA ISLA DE CHILOÉ? (Can *Sphagnum* moss be harvested in a sustainably way in Chiloé's peatlands?)

Silva, W.¹ & Díaz, M. F.²

¹ Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² UNAB.

El musgo *Sphagnum magellanicum*, especie predominante en turberas de Chiloé, se comercializa internacionalmente como sustrato para la horticultura. Chile exporta 2675 ton año⁻¹, y aunque las exportaciones han aumentado durante la última década, no existe plan de manejo que regule su extracción. Un método tradicional de extracción consiste en cubrir el sitio cosechado con una capa de restos del musgo. Para mejorar las técnicas de cosecha y asegurar la sustentabilidad del musgo, estudiamos su regeneración instalando parcelas experimentales simulando tres condiciones de extracción: control, cosecha, cosecha+resiembra, evaluando el crecimiento y producción de biomasa de nuevas estructuras regenerativas. En un vivero, cultivamos secciones de musgo provenientes de distintas profundidades, simulando distintos niveles de extracción, evaluando la aparición de brotes nuevos. El crecimiento y productividad resultó similar en cosecha con y sin resiembra y menor al control. El número de brotes nuevos disminuyó con la profundidad de la sección; el 90% se observó en los primeros 12 cm. Nuestros resultados sugieren que la resiembra no influye en la regeneración del musgo. Recomendamos una profundidad máxima de cosecha de 12 cm. La capacidad de regeneración del musgo en el corto plazo es baja, por lo que una explotación sustentable requeriría rotaciones largas de varios años.

Patrocinante: J. Armesto.

Agradecimientos: Fondecyt 11085007, LTSER, Estación Biológica Senda Darwin.

99. REMANENTES DE BOSQUE ESCLERÓFILO, VIÑAS Y BACTERIAS: ¿UNA FELIZ COEXISTENCIA? (Sclerophyllous forest remnants, vineyards and bacterias: ¿Do they happily coexist?).

Barbosa, O.^{1,2}, Manzano, M.³, Marquet, P. A.^{2,3}

¹ Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile

² Instituto de Ecología y Biodiversidad

³ Departamento de Ecología, P. Universidad Católica de Chile

La pérdida de biodiversidad y degradación de los ecosistemas, ha generado una disminución en la provisión de servicios ecosistémicos (SE). En la zona central de Chile, el bosque y matorral esclerófilo ha sido parcialmente reemplazado por cultivos de vid generando la coexistencia espacial de viñedos y remanentes de esta vegetación nativa. Como el ciclaje de nutrientes y formación de suelos, son dos SE esenciales para la productividad agrícola, en este trabajo buscamos indicadores que relacionaran la provisión de estos servicios a través de la presencia de estos remanentes. Para ello, se determinó mediante TRFLP y la secuenciación del gen 16S rRNA, la composición comunitaria de bacterias rizosféricas de suelos en tres viñedos orgánicos y en los remanentes nativos adyacentes. En las viñas estudiadas se encontró que los suelos mantienen una comunidad microbiana particular. Sin embargo, estas diferencias disminuyen a medida que nos acercamos a remanentes de vegetación nativa adyacente. Nuestros resultados sugieren que estos remanentes de vegetación esclerófila tienen una importante implicancia en la estructuración comunitaria de bacterias, asegurando la viabilidad procesos ecosistémicos como fijación de nitrógeno, solubilización de fósforo, protección contra patógenos, y señales hormonales, entre muchos otros. Se discute el potencial aporte de estos resultados en el desarrollo de programas de conservación del Ecosistema Mediterráneo de Chile.

Financiamiento Proyecto PFB 23 2008.

100. EVOLUCIÓN DE NUTRIENTES A LO LARGO DE UNA CRONOSECUENCIA (evolution of nutrients along a chronosequence).

Gallardo, B.¹ & Pérez, C.¹

¹ Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

El N y el P son los elementos más comunes de la limitación, tanto individualmente como en combinación. El objetivo de este estudio es examinar cómo se desarrolla la limitación de nutrientes a lo largo de una sucesión primaria y en forma particular cómo evoluciona el P a lo largo de una cronosecuencia del sur de Chile. La relación que exista entre N y P es importante para conocer qué tipo de limitantes estarán afectando a la biota vegetal. Se encontró una evolución en la limitación por P conforme aumenta la edad del suelo en la cronosecuencia. A corto plazo, en las cronosecuencias hubo un aumento en de la relación N/P desde etapas iniciales a etapas posteriores de la sucesión. En cambio, en cronosecuencias a largo plazo, a finales de las etapas de sucesión se caracterizó por el agotamiento de nutrientes del suelo, pero que tiende hacia una recuperación. Además los resultados de las hojas indican que conforme aumenta la edad de suelo aumentan las concentraciones de N y P foliar, pero esta relación se observó solo para plantas deciduas.

101. DINÁMICA ESPACIO-TEMPORAL DE LAS COBERTURAS DE SUELO EN PAISAJES LOCALES EN OSORNO, REGIÓN DE LOS LAGOS (Space-temporal dynamics of land cover in local landscapes of Osorno, Región de Los Lagos).

Escanilla, V.¹ & Hernández, J.¹

¹ Facultad de Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile.

El cambio de uso de suelo es el factor de cambio ambiental más importante a nivel mundial. El paisaje de la depresión intermedia de la Región de los Lagos ha perdido el 80% de cobertura nativa debido a las actividades económicas desarrolladas. Este estudio hace un análisis a escala local de la dinámica entre las coberturas y usos de suelo mediante técnicas geomáticas, las que han permitido analizar la estructura actual y transitoria de estos elementos entre los años 1980-2006. Se eligieron cuatro paisajes del valle central de la provincia de Osorno, donde se identificaron parches remanentes de vegetación nativa y ribereña, plantaciones exóticas, cuerpos de agua y matorrales. Mediante el módulo *Land Change Modeler* del software *Idrisi*, se constató una gran pérdida anual de vegetación nativa versus un significativo aumento de plantaciones exóticas y de matorrales, mientras que cultivos solo ganaron cuatro hectáreas en todo el período considerado debido a un fuerte abandono desde 1998, producto de la incorporación de nuevas actividades identificando a la acuicultura como la que tendría el mayor impacto. De esta forma, se obtiene información con gran detalle de la dinámica del paisaje como respuesta a las políticas de desarrollo económico adoptadas por esta región del país.

102. EFECTO DE *ESCHSCHOLZIA CALIFORNICA* SOBRE LA DIVERSIDAD DE LA COMUNIDAD BACTERIANA DEL SUELO (Effect of *Eschscholzia californica* on the diversity of the soil bacterial community).

Pizarro, M.; Orlando, J.; Bustamante, R.; Carú, M. y de Armas, M. Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Santiago, Chile. merlydearmas@yahoo.es

Eschscholzia californica, es una planta invasora ampliamente distribuida en la zona central chilena. Sin embargo, se desconoce el nivel de interacción que tiene esta planta con las plantas nativas, así como los efectos que puede tener sobre la microbiota residente en los suelos invadidos. En este estudio se trabajó con muestras de suelo, asociado y no asociado a la planta invasora, provenientes del Camino a Farellones a 2.000 msnm. Se determinaron los factores edáficos, la diversidad genética mediante perfiles de TRFLP del marcador molecular rDNA 16S y la diversidad metabólica mediante perfiles de CLPP utilizando Biolog EcoPlate™. Los parámetros edáficos indicaron que el suelo asociado a la planta presentó un mayor contenido hídrico. A nivel de la microbiota, el análisis de la estructura genética mostró diferencias en las comunidades bacterianas del suelo asociado y no asociado a la planta, siendo el pH el factor con mayor influencia sobre la varianza de las muestras. A nivel metabólico, la separación de las comunidades microbianas fue menos definida que a nivel genético y el factor que más influyó fue el contenido hídrico. Considerando que esta planta produce una gran diversidad de metabolitos secundarios, algunos de ellos podrían influir sobre la diversidad de la microbiota del suelo.

Financiamiento: FONDECYT 3110140.

103. FORMACIÓN DE RAÍCES PROTEOÍDEAS EN *EMBOTHRIMUM COCCINEUM* J. R. ET FORST EN UN GRADIENTE DE FERTILIDAD EN LA REGIÓN DE AYSÉN (Cluster root formation in *Embothrium coccineum* JR et G. Foster along a fertility gradient in the Aysen Region).

Baeza, G.¹, Piper, F.², Zúñiga-Feest, A.³

¹ Facultad de Ciencias Forestales Universidad de Talca.

² Centro de Investigación en Ecosistemas de la Patagonia (CIEP).

³ Universidad Austral de Chile.

Embothrium coccineum (Ec) tiene la capacidad de formar raíces proteoideas (RP) en respuesta a bajos niveles de fósforo (P) en el suelo. Las RP son estructuras radicales que movilizan el fósforo no disponible del sustrato. El objetivo de este trabajo fue documentar el patrón natural de formación de RP en Ec en una gradiente de fertilidad en la Región de Aysén. Para ello se evaluó la relación entre el fósforo (P) disponible en el suelo (P Olsen y% P adsorbido) y la formación de RP (n° de RP y peso relativo de RP). Un segundo objetivo fue evaluar el potencial impacto de Ec sobre la condición nutricional de especies vecinas, para lo cual se midió la concentración de P foliar en especies vecinas a Ec creciendo cerca y distantes de Ec. Los resultados demuestran que baja disponibilidad de P en el suelo promueve mayor número y peso relativo de RP en Ec. En el sitio de menor fertilidad, especies de la comunidad presentan mayor contenido de P foliar cuando crecen asociadas a Ec que cuando crecen no asociadas a Ec.

Agradecimientos: DID S-2010-66, CONAF.

104. IDENTIDAD Y DIVERSIDAD GENÉTICA DE LOS COMPONENTES SIMBIÓTICOS DE CIANOLÍQUENES DEL GÉNERO *PELTÍGERA* PROVENIENTES DE TIERRA DEL FUEGO (Identity and genetic diversity of the symbiotic partners of cyanolichens of the genera *Peltigera* from Tierra del Fuego).

Zúñiga, C.; Ramírez, L.; Carú, M. y Orlando, J.

Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Santiago, Chile. orlandojulietta@yahoo.com.ar

Los cianolíquenes son asociaciones simbióticas estables entre un hongo (micobionte) y una cianobacteria (cianobionte). En este estudio se trabajó con cianolíquenes provenientes del Parque Natural Karukinka (Tierra del Fuego), pertenecientes al género *Peltigera*, cuyo cianobionte corresponde a cianobacterias del género *Nostoc*.

El objetivo del trabajo fue determinar la identidad y diversidad genética de los componentes simbióticos. Para ello, a partir de DNA extraído desde el talo liquénico, se amplificaron y secuenciaron los marcadores moleculares rDNA 18S e ITS para los micobiontes, y rDNA 16S y tRNA^{Leu} (intrón) para los cianobiontes. El análisis de las secuencias de los micobiontes mediante BLAST indicó que todas las muestras analizadas pertenecían al género *Peltigera*, siendo el marcador ITS el de mayor resolución, por tratarse de una región variable. El análisis de las secuencias de cianobacterias confirmó que los cianobiontes pertenecían al género *Nostoc*. A nivel de la secuencia nucleotídica, el marcador tRNA^{Leu} (intrón) resultó ser menos resolutivo que el rDNA 16S, pero a nivel de estructura secundaria se detectó una mayor diversidad, tal como ha sido descrito en la literatura. Finalmente, se determinó que existe una asociación específica entre los simbiotes, la cual fue estadísticamente significativa.

Financiamiento: FONDECYT 11100381. BECA CONICYT 21100612.

105. DIAGNÓSTICO DE LOS PROGRAMAS DE COMPENSACIÓN REQUERIDOS POR EL SISTEMA DE EVALUACIÓN DE IMPACTO AMBIENTAL (EIA) EN LA REGIÓN MEDITERRÁNEA DE CHILE (Diagnosis of compensation programs required by the Environmental Impact Assessment (EIA) law in the Chilean Mediterranean Region).

Bustamante-Sánchez, M., Reyes, J., Espinoza, S., Gatica, P. & Gallardo, B.

Universidad de Concepción.

Actividades de desarrollo que afectan hábitats naturales requieren de una EIA. Durante la evaluación, se debe presentar una propuesta para compensar los impactos sobre especies amenazadas y vegetación nativa. En este estudio caracterizamos la situación de los programas de compensación en la región Mediterránea de Chile. Analizamos todas las EIA aprobadas que afectan ecosistemas forestales. Recolectamos los siguientes datos: tipo de actividad de desarrollo, lugar donde se realizará la compensación, especies vegetales utilizadas, y lugar desde donde se obtuvieron las plantas. Además, recopilamos información sobre los viveros de plantas disponibles en la región. Nuestra investigación muestra que alrededor del 50% de los proyectos realizan acciones de compensación. La mayoría de los programas compensatorios se realizan en la misma zona o cerca de la zona de impacto del proyecto, utilizan mayoritariamente especies nativas, sin embargo, utilizan un número reducido de especies, principalmente árboles. En la mayoría de los programas no se especifica desde donde se obtuvieron las plantas. Los viveros de la región producen mayoritariamente plantas ornamentales y frutales; una pequeña cantidad produce árboles. Existe una falta de orientación sobre los procedimientos de compensación y no hay un método estándar para determinar los requisitos de compensación a nivel nacional.

106. EFECTO DE HUMEDAD SOBRE EL USO DE HÁBITAT POR ISÓPODOS EN PARCHES DE *SPARTINA DENSIFLORA* (BRONGN 1829) Y *SARCOCORNIA FRUTICOSA* (Effect of moisture on the use of habitat patches by isopods in *Spartina densiflora* (BRONGN 1829) and *Sarcocornia fruticosa*).

Villagrán, K.¹, Correa R.¹, Manquilef J. P.¹ & Neill P. E.¹

¹ LEIM, Depto. Ecología, Fac. Ciencias, UCSC, Casilla 297, Concepción, Chile.

Spartina densiflora y *Sarcocornia fruticosa* presentan alta dominancia en sistemas de humedales. Estas especies difieren en morfología y capacidad de retener agua del suelo. En este sentido, ambas proveerían condiciones distintas de microhábitat, incidiendo en identidad y abundancia de los organismos que lo habitan. Se puso a prueba la hipótesis que, dada la morfología subsuelo de cada planta, la humedad del suelo es mayor en parches de *S. densiflora* que en parches de *S. fruticosa*, y la densidad de isópodos es mayor en condiciones de alta humedad del suelo. Se cuantificó la humedad del suelo (método gravimétrico) y la densidad de isópodos en parches (n° ind./cm²) de ambas plantas en tres transectos, teniendo tres condiciones de humedad por transecto (alto, medio, bajo). ANDEVA indica que la presencia de *S. densiflora* afecta positiva y significativamente la densidad de isópodos, pero no se encontró diferencias en humedad. Los resultados no apoyan la idea de que la morfología de las plantas afecta la humedad, esto sugiere que existe otro factor que favorece la densidad de isópodos en *S. densiflora*.

107. EFECTO DE LA SOMBRA Y AGUA SOBRE EL DESEMPEÑO DE ESPECIES ARBUSTIVAS DEL DESIERTO COSTERO DE ATACAMA (Effects of shade and water on seedling performance of shrub species of the Coastal Atacama Desert).

Carvajal D. E.¹, Loayza A. P.¹, Toro P. J.¹, Squeo F. A.^{1,2}

¹ Universidad de La Serena e Instituto de Ecología y Biodiversidad.

² Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas.

Las diferencias interespecíficas en el desempeño de plántulas a lo largo de gradientes ambientales son consideradas factores claves en determinar la estructura y dinámica comunitaria de plantas. Particularmente, las respuestas de plántulas al efecto combinado de limitaciones en agua y luz pueden determinar los patrones de establecimiento. En este estudio evaluamos experimentalmente, el efecto de la sequía y la sombra sobre el desempeño de cuatro especies nativas del Desierto Costero. Plántulas de las cuatro especies fueron sometidas a tres niveles de sombra (15, 75 y 95%) y de riego (0, 50 y 100 mm) y durante un año evaluamos la sobrevivencia y el crecimiento. Hubo mayor sobrevivencia a niveles intermedios de sombra y altos de agua para todas las especies. En general, el crecimiento fue afectado negativamente en los tratamientos sin sombra, independientemente de la cantidad de agua. Estos resultados revelan que: 1) las especies estudiadas son altamente susceptibles a cambios en la disponibilidad de luz y agua, y 2) el desempeño de estas especies responde similarmente al efecto combinado de sequía y sombra. Consecuentemente, las comunidades de plantas del desierto costero podrían ser muy vulnerables a futuros cambios en el régimen de precipitaciones.

Agradecimientos: FONDECYT 1.071.012, CMP, IEB (P05-002 ICM y CONICYT PFN-23).

108. COEVOLUCIÓN PLANTA-INSECTO: ROL DE LOS MECANISMOS DE RESISTENCIA A INSECTICIDAS (Plant-insect coevolution: the role of the insecticide resistance mechanisms).

Silva, A. X.¹, Luna-Rudloff M.¹, Bacigalupe, L.¹, Figueroa, C. C.¹

¹ Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución, UACH.

Los agroecosistemas son considerados ambientes altamente heterogéneos, donde diversos agentes selectivos contribuyen a la evolución de insectos plaga. Los insecticidas ejercen una presión que conduce a la selección de mecanismos de resistencia tanto metabólica como por insensibilidad. Por otra parte, los insectos herbívoros han desarrollado una serie de adaptaciones incluyendo mecanismos de detoxificación de aleloquímicos vegetales. ¿En qué medida los mecanismos de resistencia a insecticidas reclutados en el agroecosistema están también involucrados en la resistencia a los aleloquímicos vegetales? Para ello, se estimó la adecuación biológica (r_m) y el cambio transcripcional para 8 genes de detoxificación en el áfido *Myzus persicae* sometido a dos hospederos (neutro/ defendido). Genotipos que portan dos mutaciones de insensibilidad a insecticidas, vieron incrementado su r_m sobre el hospedero defendido sin alteración transcripcional de los genes estudiados. Los genotipos con una mutación, mantuvieron su r_m constante e incrementaron la transcripción en dos genes. En genotipos sin mecanismos de insensibilidad, la r_m disminuyó sobre hospederos defendidos y aumentó la transcripción para 5 genes. Lo anterior evidencia que el balance costo/beneficio del uso de hospederos está relacionado con los mecanismos de resistencia a insecticidas. Los compromisos de los distintos mecanismos, aunque no bien

delimitados aún, jugarían un rol importante en la dinámica de estas poblaciones.

Agradecimientos: FONDECYT N°1090378-CCF y N°1080085-LB.

109. EFECTOS MATERNOS Y DESEMPEÑO: UN ESTUDIO EN MYZUS PERSICAE (Maternal effects and performance: a study in *Myzus persicae*).

González, J.¹, Avaria, J.¹, Morales, B.¹, Nespolo, R.², Bacigalupe, L.²

¹ Departamento de Zoología, Universidad de Concepción.

² Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución, Universidad Austral de Chile.

Los efectos maternos son la influencia causal del fenotipo (o genotipo) materno en el fenotipo de sus crías. En insectos, el ambiente que experimenta la madre tiene importantes implicancias sobre el fenotipo de la descendencia, lo que se conoce como plasticidad fenotípica transgeneracional. Esta plasticidad será adaptativa cuando el ambiente experimentado por la madre otorga claves sobre el ambiente donde podría crecer su progenie. En pulgones, la reproducción partenogenética con generaciones telescópicas hace que la presencia de efectos maternos sea muy probable. En este trabajo evaluamos la presencia de efectos maternos asociados al uso de huéspedes con niveles diferentes de aleloquímicos. Se utilizaron 11 genotipos del pulgón *Myzus persicae* y *Capsicum annuum* (pimentón) y *Raphanus sativus* (rabanito) como huéspedes. En un diseño factorial, madres y progenie fueron criadas en el ambiente benigno (pimentón) o estresante (rabanito) para esta especie y se evaluaron varios rasgos morfológicos y de historia de vida. Para todos los rasgos estudiados los resultados indican la presencia de efectos maternos positivos en organismos criados en el ambiente estresante. Los resultados son discutidos en relación a los mecanismos de detoxificación requeridos en estos hospederos y de los costos asociados en encender la maquinaria de detoxificación.

Financiamiento: FONDECYT 1080085.

110. ESCLARECER EL ROL DE LOS PROCESOS AMBIENTALES Y ESPACIALES SOBRE LA ASIMETRÍA FLUCTUANTE POBLACIONAL EN EL GERRIDO *AQUARIUS CHILENSIS* (Disentangling the role of environmental and spatial processes on population fluctuating asymmetry in the water strider *Aquarius chilensis*).

Sampértegui, S.^{1,5}, Bertin, A.², Gouin, N.³, Figueroa, R.⁴ y Ruiz, V.¹.

¹ Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

² Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de La Serena.

³ Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas-CEAZA.

⁴ Unidad de Sistemas Acuáticos, Centro de Investigación en Ciencias Ambientales-EULA.

⁵ Doctorado en Sistemática y Biodiversidad.

La asimetría fluctuante (AF), desviación aleatoria no direccional desde la simetría perfecta en rasgos bilaterales, refleja supuestamente el nivel de estrés ambiental y genético experimentado por individuos o poblaciones durante el desarrollo. Mientras que AF ha sido ampliamente usada como herramienta bioindicadora para el monitoreo ambiental y la biología de la conservación, no está claro cuáles son los factores que fundamentan su expresión en poblaciones naturales. En este estudio, se evaluó la importancia de los procesos espaciales y ambientales (i.e. características del agua y de hábitat, depredadores acuáticos y parasitismo) sobre la expresión de la asimetría corporal en poblaciones del gerrido *Aquarius chilensis*. Para ambos sexos, se explicó la mayoría de la variación en la AF entre las poblaciones (i.e. >80%). En las hembras, gran parte de la variación apareció estructurada espacialmente (i.e. 63%) con poblaciones cercanas más similares en AF que poblaciones lejanas. De acuerdo con los análisis de partición de la varianza, este fenómeno resultaría del efecto de factores ambientales espacialmente estructurados y por relaciones genéticas entre las poblaciones. En contraste, no se encontró evidencias de estructura espacial no al azar en la AF en los machos. Nuestros resultados muestran en cambio un rol predominante de factores ambientales no estructurados espacialmente para este sexo. En resumen, los resultados sugieren que tanto factores genéticos como ambientales pueden afectar la expresión de AF en poblaciones de *A. chilensis*. Planteamos la hipótesis que conductas de dispersión alternativas entre los sexos puedan generar las diferencias en género que detectamos.

Patrocinio: Florence Tellier

Agradecimientos Proyecto Fondecyt 1090404

BOTÁNICA

111. DISTRIBUCIÓN DE RIQUEZA DE ESPECIES DE TREPADORAS DE CHILE (Richness distribution of climbing plants in Chile).

Atala, C.¹, Lagos, A.¹, Marticorena, A.², Rodríguez, R.², Parra, M. J.²

¹ Laboratorio de Anatomía y Ecología funcional de Plantas, Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, U de C, Campus Los Ángeles.

² Departamento de Botánica, U de C.

Las plantas trepadoras son plantas que dependen mecánicamente de un soporte externo para crecer y reproducirse exitosamente. Estas pueden trepar por medio de zarcillos, raíces adventicias, con un tallo voluble o apoyándose en las plantas circundantes. En este estudio se analizó la distribución de la riqueza de especies de plantas trepadoras de Chile. Esto se hizo a partir de registros de herbario, observando la presencia/ausencia de cada taxa por provincia. Se obtuvo un aumento progresivo de la riqueza desde el norte, con un máximo en la Región del Biobío, para luego disminuir hacia el sur. Además, se realizó un análisis de la distribución de las especies según el tipo de trepado. Este estudio muestra una distribución de la riqueza con un efecto dominio medio. Las plantas trepadoras son particularmente susceptibles al frío y a la sequía, ya que poseen vasos de gran tamaño, comparadas con las plantas autosustentadas. Esto puede explicar parcialmente los resultados, sin embargo, deben considerarse otros factores como el área de territorio disponible para las plantas, y el esfuerzo de colecta en cada región.

Agradecimientos: OIRII UdeC Campus Los Ángeles, Dirección Campus Los Ángeles.

112. NURSE EFFECT AND HERBIVORY EXCLUSION AS MECHANISMS OF FACILITATION FOR PLANT COLONIZATION IN ABANDONED MINE TAILINGS IN NORTH-CENTRAL CHILE.

Cuevas, J.,¹ Silva, S.², León-Lobos, P.², and Ginocchio, R.³

¹ INIA-Valdivia, Casilla 567, Valdivia.

² INIA-Intihuasi, Casilla 73, Vicuña.

³ CIMM, Casilla 170, Correo 10, Santiago.

Positive interactions among plants, such as the nurse effect, have been suggested for non-natural systems such as mine spoil dumps. We evaluated spontaneous seedling recruitment and some substrate variables in different microhabitats (open areas and beneath the canopy of dominant shrubs) in an abandoned copper tailing dump in north-central Chile. An *in situ* experiment was established to evaluate the importance of microhabitat and herbivory (with and without exclusion) on seedling survival. The putative nurse species was *Baccharis linearis*. Seedlings of *B. linearis* and *Haplopappus parvifolius* were abundant beneath the *Baccharis* canopy coverage, whereas they were scarce in the open spaces between shrubs. The *in situ* experiment showed a decreasing sequence of survival rates under the following conditions: beneath *Baccharis* canopy with herbivore exclusion, beneath canopy without exclusion, open field with exclusion, and finally, open field without exclusion. Substrates beneath shrubs had higher P and K levels at depths < 10 cm than substrates in open areas. We demonstrate the importance of the nurse effect on seedling regeneration and establishment, where nurse shrubs could improve at least the substrate's nutritional conditions. Moreover, combining both the nurse effect and herbivore exclusion increases the chances of ecological restoration in mine spoil dumps of semi-arid areas of north-central Chile.

Acknowledgments: Innova Chile 04CR9IXD-01, Fondecyt 1110156.

113. ASOCIACIONES POSITIVAS DE PLANTAS VASCULARES Y NO VASCULARES A PLANTAS EN COJINES EN COMUNIDADES ALTO-ANDINAS DE LA ISLA NAVARINO (Positive associations of vascular and non-vascular plants to cushion plants in high Andes of Navarino Island).

Méndes M. O.^{1,4}, Rozzi R.^{2,3,4} & Cavieres L. A.^{1,4}

¹ Dpto. Botánica, Universidad de Concepción.

² University of North Texas/ UMAG.

³ Parque Etnobotánico Omora.

⁴ Instituto de Ecología y Biodiversidad.

La hipótesis del gradiente de estrés predice que la facilitación será más frecuente en ambientes de mayor estrés. Numerosos estudios sobre este modelo han excluido a las plantas no vasculares, siendo estas componentes importantes de sitios severos. En este estudio se evaluó cómo difiere la riqueza de especies de plantas vasculares, no vasculares y líquenes que habitan dentro y fuera de los cojines en las montañas de la isla Navarino (55°S). Adicionalmente, se examinó cómo varía la riqueza de especies asociadas al cojín en laderas con distinta exposición. En la ladera sur se registró mayor riqueza que en la ladera norte. El grupo con mayor riqueza fueron las briófitas. En ambos sitios hay más especies totales creciendo dentro que fuera del cojín, pero esta diferencia varía según la exposición del sitio y del grupo de flora que se considera. Las plantas vasculares en el sitio sur presentaron mayor riqueza fuera que dentro del cojín.

Financiamiento: PFB-023 CONICYT, FICM P05-023.

114. DIFERENCIAS LATITUDINALES EN LA ANATOMÍA FOLIAR DE *COLOBANTHUS QUITENSIS* (Latitudinal differences in leaf anatomy of *Colobanthus quitensis*).

Opazo, G.¹, Castro S.¹, Cuba M.², Atala, C.¹

¹ Laboratorio de Anatomía y Ecología Funcional de Plantas, Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal (DCTV), U de C, Campus Los Ángeles.

² Laboratorio de Biotecnología y Estudios Ambientales, DCTV, U de C, Campus Los Ángeles.

Colobanthus quitensis es una Caryophyllaceae presente en Chile continental y Antártica. Dada su amplia distribución, las poblaciones podrían presentar diferenciación ecotípica en rasgos funcionales, particularmente los relacionados con la radiación lumínica, agua y temperatura. En el presente estudio se analizó la anatomía de las hojas de *C. quitensis* de 3 poblaciones; dos continentales (La Parva y Punta Arenas) y una de la Antártica. Se realizaron secciones transversales y vistas superficiales de las hojas, las que fueron fotografiadas con una cámara anexa a un microscopio. Se encontraron diferencias entre las poblaciones en el área de sección transversal, área de parénquima en empalizada y grosor de la cutícula adaxial. Las poblaciones de La Parva y Antártica presentaron algunas similitudes anatómicas. La población de Punta Arenas es una población costera, menos expuesta a la radiación, y presentó las mayores diferencias respecto a las otras dos poblaciones. Un mayor grosor de cutícula y menor parénquima en empalizada en las poblaciones de Antártica y La Parva podrían relacionarse con protección contra la fotoinhibición por exceso de radiación. Se están haciendo estudios genéticos para corroborar la diferenciación genética de estas poblaciones.

Agradecimientos: OIRII U de C Campus Los Ángeles. Rafael Hernández.

115. EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD FLORÍSTICA Y ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA DEL BOSQUE TEMPLADO EN EL ÁREA DE PROTECCIÓN LOS QUEULES, CHILE CENTRAL (Floristic diversity assessment and structural analysis of temperate forest in National Reserve Los Queules, Central Chile).

San Martín, J.¹ & T. Cabrera²

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

² Fac. Ciencias Forestales.

La zona central de Chile incluye riqueza y endemismos de flora con riesgos de conservación. A los 35°S los bosques nativos también presentan amenazas en su integridad y biodiversidad previendo su continuidad en áreas protegidas como la Reserva Nacional Los Queules, región maulina. Si en el área los endemismos y diversidad de bosques en coherencia con la organización y el clima es aceptable entonces satisface las expectativas de conservación. Se describe y evalúa la diversidad y biogeografía florística y la organización del bosque templado.

En 60 parcelas de 200 m² se inventariaron las especies con estimación de la cobertura.

Para el muestreo la riqueza es 105 especies organizadas es estratos y prevalencia de hierbas y árboles. Los elementos nativos superan ligeramente a las endémicas. La fisionomía del bosque es mixta con elementos siempreverdes como *Aextoxicon punctatum*, *Gomortega keule*, *Cryptocarya alba* y como caducifolias *Nothofagus obliqua* y *N. glauca*. La comunidad se organiza en asociaciones. Se concluye que la organización del bosque es compleja con especies epífitas y otras abundantes propias del bosque valdiviano. La reserva satisface ligeramente los propósitos de conservación.

Agradecimientos a Instituto de Biología Vegetal y Biotecnología, Universidad de Talca.

116. RELACIÓN ENTRE LA DIVERSIDAD DE ESPECIES DE PLANTAS INTRODUCIDAS Y NATIVAS EN UN BOSQUE TEMPLADO (Relationship between diversity of native and introduced species in a temperate forest).

Mardones D., Saldaña A., Míhoc M.
Depto. Botánica, Universidad de Concepción.

Los bosques templados del sur de Chile poseen importantes ecosistemas que en la actualidad se ven amenazados debido a perturbaciones e introducción de especies. Se ha reconocido que las invasiones por especies introducidas pueden modificar procesos ecosistémicos y la dinámica comunitaria, representando un riesgo para las comunidades nativas. Diversos estudios sostienen que la comunidad nativa puede actuar como barrera frente a la introducción de especies. En este estudio se evaluó la relación entre especies nativas e introducidas en el Parque Nacional Puyehue, área protegida que constituye un importante reservorio del bosque templado. Se evaluó la riqueza y abundancia de especies en 34 parcelas, dispuestas aleatoriamente al borde de los caminos. El muestreo determinó la presencia de 73 especies, de las cuales 44 son nativas y 29 introducidas. Se encontró una relación positiva significativa entre la diversidad de especies introducidas y nativas ($R^2=0.17$, $p < 0.05$), obteniéndose una tendencia donde el aumento de la diversidad de especies nativas va acompañado de un aumento de la diversidad de introducidas en las zonas perturbadas. Si bien a escala local se ha descrito una relación negativa entre nativas e introducidas, nuestros resultados muestran el patrón opuesto. La perturbación antrópica puede

explicar esta discrepancia, y además disminuir la capacidad de resistir la introducción de especies.

Fondecyt 11090133.

117. FLORA VASCULAR Y VEGETACIÓN DE LA LAGUNA SANTA ROSA, ANDES DEL NORTE DE CHILE, REGIÓN DE ATACAMA (Vascular flora and vegetation of Santa Rosa lake, Northern Chilean Andes, Atacama region).

Soto-Benavides, R.

Centro Regional de Investigación y Desarrollo Sustentable de Atacama, Copiapó Chile.

La Laguna Santa Rosa se ubica en el sector andino de la Región de Atacama, por sobre los 3.800 altitud. Forma parte de Parque Nacional Nevado Tres Cruces y del sitio RAMSAR "Complejo Lacustre Lag. Sta. Rosa- Lag. del Negro Francisco", el más grandes en dimensiones de Chile. Está considerada como un importante humedal altoandino; sin embargo, existe escasa información publicada sobre su riqueza. En un intento por cubrir este vacío de información botánica, se presentan los resultados de evaluaciones realizadas entre los años 2010-2011. La flora vascular está conformada por 29 especies, pertenecientes a 24 géneros y 15 familias; Asteraceae, Poaceae y Cyperaceae son las familias con más especies. En la Laguna y en los sectores aledaños, se encontraron dos unidades de vegetación diferenciadas a partir por la composición de especies. Las formas de vida predominantes son hemicriptófitas y caméfitas y nanofanerófitas. Actualmente, estos ecosistemas son foco de preocupación por la acción minera que se ha desarrollado en torno a ellos en los últimos años. No obstante, los estudios científicos aún son escasos. Por lo que el presente trabajo tiene por objetivo aportar información actualizada sobre la riqueza florística de este ecosistema y sus comunidades vegetales, a fin de promover su manejo y conservación.

Agradecimientos a CRIDESAT.

118. RELACIONES FILOGENÉTICAS DEL GÉNERO TRIPTILION Y SUS IMPLICANCIAS EN LA CLASIFICACIÓN DEL GÉNERO NASSAUVIA (Phylogenetic relationships of genus *Triptilion* and their implicancias in the classification of genus *Nassauvia*).

Vidal, P. M., Jara-Arancio, P. Arroyo, MTK.

Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile, Universidad Andrés Bello.

El género *Triptilion* (Asteraceae) endémico de Chile central y del oeste de la Patagonia argentina, está conformado por siete especies de herbáceas anuales y perennes. En Chile se distribuye desde los 29° a los 40° S, desde los 0 a los 2.200 msnm. Este género ha presentado varios problemas taxonómicos desde su descripción inicial en 1794, y ha sido categorizado en diferentes jerarquías. El objetivo de este estudio es reconstruir la filogenia del género *Triptilion* y determinar sus implicancias en la clasificación del género *Nassauvia*. Se realizaron análisis moleculares con genes nucleares (ITS) y plasmidiales (rpl32-trnLUAG y trnL-F). Los resultados de rDNA y de evidencia total, determinaron que *Triptilion* y *Nassauvia* son géneros diferentes y que *Triptilion* está conformado por tres linajes, donde *T. achilleae* es el grupo hermano de las otras seis especies que conforman el género en estudio.

Agradecimientos a proyectos ICM P05-002, PFB-23.

119. EFECTOS DE LA FRAGMENTACIÓN SOBRE LA DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES ARBÓREAS: IMPORTANCIA DE LOS ATRIBUTOS ECOFISIOLÓGICOS (Effects of fragmentation on tree species distribution: importance of ecophysiological traits).

Salgado-Negret B.^{1, 2}, Pérez M. F.^{1, 2}, Armesto, J.^{1, 2}, Jiménez-Castillo M.³.

¹ CASEB, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad.

³ Universidad Austral, Instituto de Ecología y Evolución.

La fragmentación de los ecosistemas forestales modifica la disponibilidad de agua, la cual es el principal limitante para el establecimiento de especies arbóreas. Debido a las diferencias ecofisiológicas, las especies pueden responder de manera individual a los cambios microclimáticos generados por la fragmentación. Un buen modelo para dilucidar los mecanismos fisiológicos tras las respuestas específicas son los bosques de neblina del Parque Nacional Fray Jorge. En este estudio se compararon rasgos anatómicos y fisiológicos de cuatro especies distribuidas diferencialmente en un fragmento de bosque: *Aextoxicon punctatum*, presente en todo el fragmento; *Myrceugenia correifolia*, más abundante a sotavento (sin neblina); y *Drimys winteri* y *Rhaphithamnus spinosus*, especies agregadas al interior. Se detectaron diferencias significativas entre las especies, registrándose en *M. correifolia* seguida por *A. punctatum* mayor LMA y menor densidad de vasos, punto de pérdida de turgor y potencial hídrico al mediodía, rasgos que otorgan una mayor tolerancia a la sequía. Aún así, los individuos de estas dos especies localizados a sotavento registraron potenciales hídricos al medio día inferiores al punto de pérdida de turgor, lo que podría estar explicando la mayor mortalidad de estas especies a sotavento.

Agradecimientos: Fondecyt 1110929, CASEB, IEB, CONICYT.

120. SIMULANDO EL EFECTO DEL CAMBIO CLIMÁTICO SOBRE LA FENOLOGÍA DE RHODOPHIALA RHODOLIRION (BAKER) TRAUB. (AMARILLYDACEAE) [Simulating the effects of climate change on the phenology of *Rhodophiala rhodolirion* (Baker) Traub. (Amarillydaceae)].

Cabezas, J. & Arroyo, MTK.

Instituto de Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Universidad de Chile.

En el caso de las plantas se ha observado que el cambio climático modifica significativamente su fenología, tanto en las primeras etapas de floración como en su punto máximo, adelantando estos procesos entre cinco a seis días. El conocer el efecto del cambio climático sobre especies nativas, permitirá evaluar las medidas actuales de conservación y proponer nuevos mecanismos de resguardo. Se recreó un escenario de cambio climático y se analizaron las modificaciones fenológicas, utilizando como modelo de estudio a la geófito *Rhodophiala rhodolirion* (Amarillydaceae). Se usaron cámaras (Open Top Chambers) que generan un aumento de temperatura en su interior, y se registraron las temperaturas al interior y exterior de estas. Los resultados mostraron un aumento en la temperatura de 3°C en el promedio diario, al interior de las cámaras, lo que generó un adelantamiento en cuatro días de la fecha de máxima floración y una diferencia en la longevidad potencial promedio de un día.

Beca CONICYT, ICM-P05-002, PFB-23, FONDECYT 1085013.

121. DINÁMICA VEGETACIONAL Y SIMILITUD FLORÍSTICA (Vegetation dynamic and floristic similitude).

Pérez, Y., San Martín, C. Vidal, O.

Instituto de Botánica, Universidad Austral de Chile, Valdivia y Waldbau Institut, Universidad de Friburgo, Alemania.

El paisaje vegetal está formado por un mosaico de comunidades primarias originadas en el lugar y secundarias, antropogénicas. Para establecer la dinámica de degradación que lo originó se propone utilizar la similitud florística y los espectros biológico y de origen. Se trabajó con 7 comunidades vegetales presentes en el sector El Manzano (Cochrane, Aysén, Chile) en ellas se levantaron 50 censos de vegetación y con ellos se confeccionó una tabla de vegetación que fue sometida a análisis estadísticos multivariados de clasificación y ordenación. Los primeros diferenciaron las comunidades vegetales encontradas en el lugar agrupándolas por afinidad florística y los segundos, las distribuyeron espacialmente de acuerdo a su cercanía o lejanía florística, que fue representada en una constelación de comunidades, con las siguientes relaciones dinámicas: La introducción de ganado degrada el matorral de Ñire a un silvopastoreo que finaliza en una pradera de Trébol-Ballica, la que por sobrepastoreo degrada a una pradera de Aira-Cadillo, que se transforma en una estepa de Cadillo. Además, es posible suponer que el silvopastoreo en Chacay tendría origen en el bosque de Lengua al igual que el matorral de Ñire, evolucionando a la misma pradera de Trébol-Ballica. La pradera de Chépica-Cadillo se formaría al retirar el pastoreo de la pradera de Trébol-Ballica. Por último, la estepa de Cadillo podría transformarse en una de Neneo.

122. AVANCES EN LA REGIONALIZACIÓN BIOGEOGRÁFICA DE LAS COMPUESTAS (ASTERACEAE) DE CHILE: PATRONES DE RIQUEZA EN DIFERENTES ESCALAS (Towards a biogeographic regionalization of Chilean Asteraceae: richness patterns at different spatial scales).

Moreira-Muñoz, A.¹, Morales-Fierro, V.¹, Muñoz-Schick, M.²

¹ Instituto de Geografía UC (asmoreir@uc.cl).

² Museo Nacional de Historia Natural.

La familia de las Compuestas es la más diversa entre las plantas vasculares de Chile, ocupando la mayor parte de los ambientes. Para el análisis de riqueza de la familia se revisó los ejemplares depositados en el herbario SGO más los ejemplares de CONC de la subfamilia Mutisioideae. Además se extrajeron localidades de las respectivas monografías. Las tribus más complicadas taxonómicamente son Gnaphalieae y Lactuceae. Se construyó una base de datos con 14.100 registros pertenecientes a 97 géneros de Asteraceae nativos de Chile continental. Los registros fueron georeferenciados obteniéndose 9.989 localidades únicas.

El análisis de riqueza en cinco unidades de análisis muestra los siguientes resultados: la riqueza de la familia se concentra en la zona de Chile Central, entre las regiones de Coquimbo y Maule, con un valor máximo de 81 especies en las regiones de Coquimbo y Metropolitana. El análisis a escala de mayor detalle muestra una concentración de la riqueza en los pisos de vegetación precordilleranos de Chile Central. El análisis al nivel de cuadrículas de 1 x 1° de lat/long y de ½ x ½ ° lat/long abre la discusión acerca de la incidencia del esfuerzo de colecta en los patrones observados de riqueza.

Agradecimientos: Fondecyt Iniciación 11085016 (2008).

123. EVIDENCIAS GENÉTICAS DE LA HISTORIA GLACIAL DE *LAURELIOPSIS PHILIPPIANA* (Genetic evidence on the glacial history of *Laureliopsis philippiana*).

Bosshard, M.^{1,2}; Pérez, F.^{2,3,4} & Hinojosa, L. F.^{1,2}

¹ Laboratorio de Paleoecología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² IEB.

³ Laboratorio Ecología Molecular y Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

⁴ CASEB.

Los ciclos glaciales del cuaternario han causado contracciones y expansiones del rango de las especies. Durante los estadios glaciales las especies frío-intolerantes persistieron en refugios glaciales. En Chile se ha propuesto que las especies vegetales de los bosques templados habrían persistido en la cordillera de la Costa a partir de evidencia fitogeográfica y palinológica. Algunos estudios genéticos recientes han propuesto persistencia en los Andes y a altas latitudes para algunas especies. En este trabajo se estudió el patrón genético de una especie arbórea de los bosques del sur de Sudamérica, *Laureliopsis philippiana*, con un marcador cloroplastidial. Se encontraron tres haplotipos y un quiebre genético fuerte a los 40° de latitud sur. Se propone que la especie persistió en el área de la cordillera de la Costa en el norte de su rango de distribución actual. Los Andes y el sur fueron colonizados recientemente. Dentro del refugio existe una fuerte diferenciación en dos grupos (cordillera Pelada y Nahuelbuta) que persistieron de forma independiente durante la glaciación. La evidencia genética muestra que las poblaciones andinas son productos de la inmigración de haplotipos desde ambas fuentes generándose una zona de sutura.

Agradecimientos: FONDECYT 1090339, IMEB P05-002, PFB-23.

124. GENÓMICA POBLACIONAL Y DEMOGRAFÍA HISTÓRICA DE *ARAUCARIA ARAUCANA* (MOLINA) K. KOCH (ARAUCARIACEAE) EN CHILE, BASADA EN MARCADORES AFLP (Population genomics and demographic history of *Araucaria araucana* (Molina) K. Koch (Araucariaceae) in Chile, based on AFLP markers).

Fuentes, G., Ruiz, E., & C. Torres-Díaz.

Departamento de Botánica. Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción.

Araucaria araucana (Molina) K. Koch una de las más grandes y longevas coníferas que habitan las altas cumbres del sur de Sudamérica y catalogada como "vulnerable (IUCN 2010), es prioritaria para la conservación debido a su distribución restringida, características biológicas y pasado glacial. A pesar de existir varios estudios sobre la diversidad y distribución de la variación genética en esta especie, no se han realizado estudios tendientes a responder hipótesis desde una perspectiva demográfica o evaluado la existencia de potenciales loci bajo selección y su relación con variables ecológicas. Ambos parámetros, importantes a considerar en el desarrollo de estrategias de conservación. Por lo que los objetivos de este trabajo fueron determinar: (1) la presencia de loci bajo selección y (2) parámetros demográficos en poblaciones chilenas de *Araucaria araucana*. Los resultados detectaron 16 loci bajo selección a nivel de especie, de los cuales cinco se correlacionaron con 9 variables ambientales. En las poblaciones costeras se detectaron 11 loci y 6 en los Andes. La distribución de frecuencias de haplotipos mostró que dos localidades analizadas están en desequilibrio

demográfico. Estos resultados son discutidos desde el punto de vista de la conservación.

Agradecimiento: Dirección de Investigación, Universidad de Concepción.

125. IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES DE MIRTÁCEAS SUBFÓSILES MEDIANTE ANÁLISIS DE EPIDERMIS FOLIAR (Myrtaceae subfossil species identification by foliar epidermis analysis).

Salinas, F.; Pérez, F. & Hinojosa L. F.

Laboratorio de Paleoecología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Pontificia Universidad Católica de Chile.

Instituto de Ecología y Biodiversidad.

Los registros fósiles vegetales son una importante fuente de información para determinar las variaciones en riqueza y abundancia de especies que han ocurrido en el pasado, en respuesta a las fluctuaciones climáticas. Debido a que la identificación de especies a partir de rasgos morfológicos foliares en esta familia es difícil, la identificación de taxa fósiles generalmente no son muy precisos.

En este trabajo se realizó un análisis microscópico de la epidermis foliar para las especies de Mirtáceas que se encuentran actualmente en el sector de Caunahue (XV Región). Los taxa estudiados corresponden a: *Amomyrtus luma*; *A. meli*; *Luma apiculata*; *Myrceugenia planipes* y *Ugni molinae*. Las características analizadas fueron: forma de las células epiteliales de la cara adaxial y abaxial, disposición de los estomas, frecuencia estomática e índice estomático. Con los datos obtenidos se propone una clave dicotómica que permita identificar las especies o al menos el género, de las muestras subfósiles que se encuentran en el yacimiento de Caunahue (14.000 a 4.000 años antes del presente).

Patrocinio: FONDECYT 1090339/1110929; IMEB P05-002, PFB-23.

Agradecimientos: FONDECYT 1090339/1110929; IMEB P05-002, PFB-23.

126. ESTUDIO DE MECANISMOS MOLECULARES DE DEFENSA LIGADOS AL PASTOREO EN LAS ALGAS PARDAS LAMINARIA DIGITATA Y LESSONIA NIGRESCENS.

Ritter Fasshauer, A., Cosse, C., Goullitquer, A., Faugeron, S., Correa, J., Potin, P. & Leblanc, C.
Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity
Facultad: Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Este proyecto estudia las relaciones químicas y moleculares entre las algas pardas *Lessonia nigrescens* y *Laminaria digitata* con sus herbívoros correspondientes *Scurria scurra* y *Ansates pellucida*. En este marco, nuestro objetivo es de (i) desarrollar marcadores moleculares para discriminar individuos resistentes al estrés por pastoreo e (ii) identificar los mecanismos fisiológicos detrás de esta resistencia. Para llevar a cabo estos objetivos realizamos 4 librerías de cDNA a partir de individuos de ambas algas cultivados en condiciones de control y de estrés por herbivoría. El secuenciamiento de 200.000 ESTs repartidos en las 4 librerías y su posterior análisis nos permitió identificar un total de 65 secuencias reguladas positivamente bajo estrés (cambio > 4). La expresión génica de las secuencias con mayores diferencias fue luego seguida por real-time PCR. Esto permitió confirmar 7 secuencias en *L. nigrescens* y 15 otras en *L. digitata*. Actualmente estudiamos en *L. nigrescens* la relación entre la expresión de estos marcadores con la capacidad de repulsión de sus herbívoros y en paralelo buscamos diferencias fisiológicas a nivel metabólico y proteómico.

127. IMPLICANCIAS ECOLÓGICAS DE LA PESQUERIA DE ALGAS PARDAS EN ATACAMA, CHILE (Ecological implications of kelp fishery in Atacama, Chile).

Faúndez, I. A. & Oróstica, MH.
CRIDESAT - Universidad de Atacama. Copayapu 485, Copiapó, Chile (Ivonne.faundez@cridesat.cl).

En la macrozona norte de Chile (18°21'-32°08'S) fuertes presiones socioeconómicas han generado durante los últimos años una intensa pesquería de las especies *Lessonia* spp. y *Macrocystis* spp. Estas especies son utilizadas en la industria de los alginatos, con exportaciones principalmente a China, Japón, Reino Unido, Francia, entre otros, y en menor grado como alimento para animales y humanos. Las algas pardas son ecológicamente relevantes, no solo por ser la base de cadenas tróficas bentónicas, sino porque generan zonas de asentamiento larval, reclutamiento de juveniles y de refugio para invertebrados y peces (i.e. especies ingenieras). Desde el año 2005, se encuentran bajo una veda extractiva, sin embargo, su extracción se encuentra autorizada bajo una Pesca de Investigación. En este contexto, la región de Atacama ha registrado los mayores desembarques en toda la macrozona norte, llegando en promedio a las 86.451 toneladas anuales (Estadística 2005-2010, SERNAPESCA). Dado que son especies ingenieras, la intensa pesquería registrada en los últimos años, no solo podría generar una fuerte implicancia sobre el recurso, sino que también a una gran diversidad de especies asociadas. En este trabajo se analizan las consecuencias ecológicas de una pesquería que hasta hoy en día, no ha tenido un ordenamiento y regulación sustentable en el tiempo.

128. ANÁLISIS PRELIMINAR DE ALGAS EDÁFICAS EN LA ZONA SUR DE CORDON MONTAÑOSO LONQUÉN, CHILE (Preliminary soil algae analysis at Lonquén southern mountain ranges, Chile).

Ibáñez, G. Naulin, P. I.
Escuela de Ing. Forestal, SyCN, Laboratorio de Biología Vegetal, Universidad de Chile. Patrocinadora: Denise Rougier Herrera.

Las algas edáficas cumplen un importante rol como parte de la comunidad, en las cadenas tróficas, en los ciclos biogeoquímicos y también cómo indicadores biológicos. En Chile, el conocimiento de estos organismos es escaso sobre cuáles especies hay, dónde viven y cómo se interrelacionan con el medio ambiente. Se realizó un estudio preliminar de algas edáficas en la zona sur del cerro Lonquén (33°40'53,29``S 70°50'31,66``O RM, Chile). Las muestras fueron colectadas de la superficie de suelo expuestas directamente al sol y a la sombra, posteriormente fueron fijadas con FAA en tubos Falcon de donde se obtuvieron y se montaron en gelatina glicerinizada para su observación mediante microscopio óptico. Los taxa identificados corresponden al género *Achnanthes* y *Cymbella*, entre otras. Se observan diferencias entre flora algal en suelo expuesto al sol y el de sombra. Más estudios son necesarios para comprender la flora edáfica, incluyendo cultivo en medios específicos debido a la fragilidad y reducido número de otros taxa observados.

Paneles II



BR

INMUNOLOGÍA

129. PARÁMETROS DE INMUNIDAD INNATA EVALUADOS EN *ONCORHYNCHUS MYKISS* (WALBAUM, 1792) TRATADOS CON LAMINARÁN COMO INMUNOESTIMULANTE (Innate immunity parameters evaluated in *Oncorhynchus mykiss* treated with laminarin as immunostimulants).

Morales B., Rojas V. & Mercado L.

Grupo de Marcadores Inmunológicos, Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Laminarín es un β 1,3 β 1,6 D glucano que posee propiedades inmunostimulantes, y forma parte importante como componente en la biomasa de algas pardas (Phaeophytas). Con el objetivo de generar datos cuantificables del efecto del glucano sobre la inmunidad innata de trucha arcoiris, peces de esta especie fueron tratados con laminarín, las dosis fueron aplicadas tanto por vía oral como intraperitoneal. En el primer caso se adecuó un protocolo de impregnación del glucano en el alimento y en el segundo caso fue por inyección. El análisis se estableció a nivel fenotípico, mediante ensayos moleculares (ELISA indirecto), celulares (Índice de capacidad fagocítica e Índice de fagocitosis) e inmunohistoquímica. Ambas vías de administración indican un efecto de incremento de la actividad de macrófagos y el aumento de la producción de citoquinas pro inflamatorias. Los mejores indicadores fueron la secreción de TNF- α y de IL-8, en branquia, riñón cefálico, intestino posterior y bazo; además de aumentar la actividad fagocítica de macrófagos de riñón cefálico. Basados en los niveles de citoquina producida y la correlación entre estas y la capacidad fagocítica, la vía intraperitoneal muestra levemente un mayor efecto, no obstante considerando potenciales aplicaciones en acuicultura, la administración oral sería una estrategia más eficiente en la aplicación masiva. El establecimiento de un protocolo de evaluación con datos cuantificables, constituye un aporte importante a la evaluación de potenciales inmunomoduladores en etapas productivas de la Salmonicultura.

Patrocinante: Luis Mercado.

130. EXPRESIÓN DE CITOQUINAS PRO INFLAMATORIAS EN TEJIDO BRANQUIAL DE TRUCHA ARCOIRIS (*ONCHORYNCHUS MYKISS*) DESAFIADAS CON *AEROMONAS SALMONICIDA*. (Pro-inflammatory cytokines expression in rainbow trout (*O. mykiss*) gill tissue challenged with *Aeromonas salmonicida*).

Rojas M. V.¹, Ibacache C.², Dinamarca M. A.² y Mercado L.¹

¹ Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

² Laboratorio de Biotecnología Microbiana, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso.

La producción de salmónidos en Chile es amenazada por la presencia de enfermedades infecciosas. El género *Aeromonas* produce pérdidas por enfermedades septicémicas y ulcerativas, siendo la más importante la furunculosis producida por *A. salmonicida*. El principal mecanismo de infección es la transmisión horizontal por cohabitación de peces sanos y enfermos, y una de las principales vías de contagio es la branquial.

La información sobre respuesta inmune en peces es limitada, y requiere de herramientas moleculares para su caracterización. Con el objeto de identificar el nivel de expresión de citoquinas pro-inflamatorias en respuesta a *A. salmonicida*, ejemplares de Trucha arcoiris fueron desafiados con la bacteria. Se caracterizó el perfil de expresión de TNF- α , IL-8 e IL-1 β por RT-PCR, y por ELISA indirecto en tejido branquial. La expresión a nivel transcripcional y traduccional de TNF- α se incrementó, mientras se observó una inhibición de IL-8 e IL-1 β . Por inmunohistoquímica se observaron células positivas para TNF- α en las bases de laminillas branquiales de truchas infectadas. Los resultados indicarían una capacidad de respuesta a nivel branquial, así como una potencial evasión de la respuesta inmune inducida por el patógeno.

131. PRODUCCIÓN DE ANTICUERPOS PARA DETECTAR LA ACTIVACIÓN DE CASPASA 3 EN PECES (Development of antibodies for detecting fish caspase-3 activation).

Rojas, M. V.¹, Guzmán F.², Valenzuela C.¹, Marshall S. M.^{1, 2} y Mercado L.^{1, 2}.

¹ Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular, Facultad de Ciencias

² Núcleo Biotecnológico Curauma (NBC), Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

La apoptosis corresponde a un proceso de muerte celular mediado por la activación de caspasas, esta se activa por señales extrínsecas o intrínsecas que convergen en la inducción de la caspasa ejecutora 3, responsable de los cambios morfológicos y bioquímicos característicos de células apoptóticas.

Diferentes agentes infecciosos modulan la apoptosis de la célula hospedera e inducen la muerte apoptótica de manera célula-específica; así, *Piscirickettsia salmonis* activa este proceso en monocitos /macrófagos RTS11 derivados de salmónidos (Rojas et al., 2010); no obstante, no se dispone de una herramienta que permita detectar específicamente la activación de las caspasas en peces.

Se generaron anticuerpos policlonales mono-específicos para epítopes de caspasa 3 de peces. Se definieron *in silico* secuencias homólogas con el sitio activo de la enzima. Los péptidos se sintetizaron químicamente mediante estrategia f-moc y se analizaron mediante HPLC, espectrometría de masa y dicroísmo circular. Se inmunizaron ratones, los líquidos ascíticos se enriquecieron en inmunoglobulinas mediante ácido caprílico, y estas se purificaron en columnas de afinidad (CNBr).

La especificidad y versatilidad de los anticuerpos se demostró por dot blot, ELISA, western blot e inmunocitoquímica y su efectividad se evaluó en células RTS11 control e infectadas con *P. salmonis*.

132. ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN DE RECEPTORES TOLL-LIKE3/4/9 EN TIROIDITIS AUTOINMUNE EXPERIMENTAL Y POSTERIOR REGULACIÓN A TRAVÉS DE IRNA *IN VITRO* (study of expression of Toll-Like receptor3/4/9 in experimental autoimmune Thyroiditis and downregulation for iRNA *in vitro*).

Mancilla, P.*

* Instituto de inmunología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile.

La tiroiditis de Hashimoto es la causa más frecuente de hipotiroidismo, el cual se caracteriza por un gradual fallo tiroideo debido a la destrucción autoinmune de la glándula tiroidea. Para el estudio de esta enfermedad en animales de experimentación se creó el modelo Tiroiditis Autoinmune experimental (TAE). El objetivo principal de este trabajo es estudiar la expresión de TLR3/4/9 en tiroides de animales con TAE y regular su expresión a través de iRNAs *in vitro*. Para esto primeramente se inmunizaron ratones Rockefeller y C3H con tiroglobulina de ratón para inducir TAE, el desarrollo de TAE fue demostrado por ELISA. Posteriormente se evaluó la expresión de TLR3/4/9 por medio de inmunohistoquímica, RT-PCR y Western-Blot en ratones control y ratones que han sido inducidos con TAE, demostrando una sobreexpresión de TLR3. Finalmente se extrajeron tiroides de ratones control e inmunizados para generar un cultivo celular de folículos tiroideos, para posteriormente realizar estudios de estimulación por poli I:C y bloqueo de la expresión de TLR3 *in vitro* por medio de iRNAs.

Al parecer durante el desarrollo de TAE, se produce una sobreexpresión de algunos TLRs, como TLR3 en las células foliculares tiroideas, la cual puede ser revertida por la incorporación de iRNAs.

Financiamiento: CTU.06.Biomedicina.Área 3.

133. LA EXPRESIÓN DE PD-L1 Y PD-L2 EN CÉLULAS DENDRÍTICAS MODULA LA PROLIFERACIÓN DE LINFOCITOS T HELPER *IN VITRO* (Expression of PD-L1 and PD-L2 on dendritic cells modulate the proliferation of T helper cells).

Behrens, C.^{1,2}, Falcón C.^{1,2}, Tempio F.^{1,2}, Ribeiro A.^{1,2}, Pereda C.^{1,2}, Salazar-Onfray F.^{1,2}, López M. N.^{1,2}

¹ Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy.

² Disciplinary Program of Immunology, ICBM, University of Chile, Santiago, Chile.

³ Research Support Office, University of Chile Clinical Hospital, Santiago, Chile.

La utilización de células dendríticas (DCs) autólogas cargadas con antígenos tumorales (TAA) es una de las herramientas inmunológicas más promisorias como terapia contra el melanoma maligno. Nuestros datos muestran que el 60% de los pacientes que han sido tratados con TAPCells® responde inmunológica y clínicamente. En el grupo que no responde hemos establecido un elevado y mantenido aumento en la proporción de linfocitos T reguladores TH3. Los ligandos de muerte programada PD-L1 y PD-L2, son importantes moléculas coinhibitorias que se expresan en DCs e inducen linfocitos T reguladores y modulan la proliferación de células T efectoras. Utilizando siRNA hemos silenciado la expresión de PD-L1 y PD-L2 en DCs resultando en un aumento en la proliferación de linfocitos T CD4+. Por lo tanto, el silenciamiento de estas moléculas en DCs se convierte en una estrategia atractiva para mejorar la eficacia de las vacunas basadas en DCs en pacientes con melanoma maligno.

Supported by Fondecyt 1090243.

134. EFECTO DE AGONISTAS DE PRRS EN LA MADURACIÓN DE CÉLULAS DENDRÍTICAS DERIVADAS DE MONOCITOS HUMANOS Y SU EFECTO EN EL PERFIL DE CITOQUINAS PROINFLAMATORIAS (Effect of PRRs agonists in the maturation of human monocyte-derived dendritic cells and their effect on the pro inflammatory cytokine profile).

Tempio, F.^{1,2}, Falcón-Beas C.^{1,2}, Behrens C.^{1,2}, Latorre M.^{1,2}, Olivares M.^{1,2}, Mercado P.^{1,2}, Pereda C.^{1,2}, Salazar-Onfray F.^{1,2}, López M. N.^{1,2,3}.

¹ Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy.

² Disciplinary Program of Immunology, ICBM, University of Chile, Santiago, Chile.

³ Research Support Office, University of Chile Clinical Hospital, Santiago, Chile.

Las células dendríticas (DCs) maduran a través de la activación de distintos PRRs y otros estímulos. Citoquinas secretadas por DCs al interactuar con LT son cruciales para inducir la diferenciación de LT efectoras antitumorales. Monocitos fueron diferenciados y estimulados con diferentes agonistas de PRRs: Pam3cys, LPS, e IFN- α . La determinación de citoquinas fue realizada por ELISA y FlowCytomix®. El agonista TLR-2, LPS, induce un mejor perfil de marcadores de maduración que el resto de los estímulos analizados. Los diferentes agonistas inducen la producción y secreción diferencial de citoquinas IL-10, IL-6, IL-1 β y TGF- β . El patrón de citoquinas secretadas por las células dendríticas posterior a la activación de sus PRR, podría ser un factor predictor de la eficacia de la respuesta inmune antitumoral evocada y su correlación clínica en posibles terapias antitumorales.

Support Fondecyt 1090243.

135. PROTOCOLO CORTO DE CÉLULAS DENDRÍTICAS TOLEROGÉNICAS REPRIMEN LA PROLIFERACIÓN Y LA INDUCCIÓN DE PERFILES EFECTORES DE LINFOCITOS T (Short tolerogenic dendritic cells protocol represses T cells proliferation and effector T helper profiles induction).

Falcón-Beas, C.^{1,2}, Tempio F.^{1,2}, Behrens C.^{1,2}, Riveiro A.^{1,2}, Pesce B.^{1,2}, Aguillón J.^{1,2}, Pereda C.^{1,2}, Saffie C.^{1,2}, Salazar-Onfray F.^{1,2}, López M. N.¹⁻³

¹ Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy.

² Disciplinary Program of Immunology, ICBM, University of Chile.

³ Research Support Office, University of Chile Clinical Hospital.

Células dendríticas tolerogénicas (tolDCs) inducen tolerancia gracias a un fenotipo semimaduro, manteniendo altos niveles de CCR7. En el presente estudio mostramos un nuevo enfoque de generación de tolDCs a través de cultivo corto. Monocitos fueron incubados por 3 días en presencia de rhIL-4 y rhGM-CSF, y estimuladas al día 2 con lisado tumoral (TRIMEL®) o LPS. Para las tolDCs, se usaron 2 dosis de dexametasona previo a ser estimuladas. Los marcadores de maduración y perfiles efectoras T_H1 (CD4+IFN- γ +) y T_H17 (CD4+IL-17+) fueron determinados por FACs. La determinación de citoquinas fue realizada por ELISA y FlowCytomix®. La capacidad de fagocitosis fue determinada por la incorporación de dextrán-FITC. La inducción de proliferación fue evaluada por ensayo de dilución de CFSE. Las tolDCs de 3 días muestran un fenotipo semimaduro, secretan bajos niveles de CK pro inflamatorias y altos niveles de CK regulatorias y reprimen la proliferación y diferenciación de linfocitos T "helper" efectoras. Este nuevo desarrollo biotecnológico podría eventualmente ser usado en enfoques clínicos como enfermedades autoinmunes o alotransplantes induciendo tolerancia a auto o aloantígenos respectivamente.

Support Fondecyt 1090243.

136. EXPRESIÓN DE RECEPTORES TIPO TOLL-LIKE (TLR) EN TIROIDITIS AUTOINMUNE EXPERIMENTAL (*Expression of Toll-like receptors (TLR) in experimental autoimmune thyroiditis*).

Vera, C. L.* Aguilar A.*, Barría M.*

* Instituto de Inmunología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile.

La tiroiditis autoinmune experimental (TAE) es un modelo de tiroiditis de Hashimoto, enfermedad caracterizada por destrucción autoinmune de la glándula tiroidea y que puede inducirse inyectando Tg en dosis repetidas o combinada con lipopolisacáridos.

La vinculación autoinmune – virus se atribuye a la expresión de genes inducidos por activación de TLRs con Patrones Moleculares Asociados a Patógenos (PAMPs).

El desarrollo de TAE fue demostrado por la presencia de niveles elevados de autoanticuerpos y por infiltración linfocitaria en tiroideas. Se analizó el nivel de expresión de TLR 3/9, mediante RT-PCR e inmunohistoquímica, demostrándose una sobreexpresión en animales enfermos. Posteriormente, se procedió a determinar el efecto del análogo viral sintético Poli I:C sobre la expresión de TLR3 en células foliculares tiroideas de ratones C3H, pudiéndose observar un marcado aumento de la expresión con respecto al control.

Basado en estos resultados, puede deducirse que componentes virales pueden estar vinculados en el desarrollo de tiroiditis autoinmune como gatilladores del cuadro.

Financiamiento: CTU 06 Biomedicina Área 3.

137. EFECTO INMUNOMODULADOR DE METIMAZOL EN MODELO MURINO DE TIROIDITIS AUTOINMUNE EXPERIMENTAL (*Immunomodulatory effect of methimazole in murine models of experimental autoimmune thyroiditis*).

Vargas, L. A.† Barría M.‡, Aguilar A.‡

† Instituto de Inmunología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile.

Tiroiditis de Hashimoto es una enfermedad tejida específica en humanos que se caracteriza por una destrucción autoinmune de la glándula tiroidea. En el presente trabajo se evaluó el efecto de metimazol sobre un modelo murino de tiroiditis autoinmune experimental tanto *“in vivo”* como *“in vitro”*. Para el modelo *“in vivo”*, se utilizaron cepas de ratones Rockefeller y C3H hembras previamente inmunizadas con tiroglobulina, luego se les administra metimazol vía oral por 20 días. Al final del tratamiento se determina la presencia de autoanticuerpos antitiroglobulina en suero y se analiza los cortes de las glándulas tiroideas por inmunohistoquímica. Para el modelo *“in vitro”*, se realiza cultivos celulares de folículos tiroideos en ratones sanos y sobre estos se efectúa experimentos de cinética de estimulación con poli I:C y metimazol. Sobre las muestras obtenidas se efectúa un RT-PCR semicuantitativo para evaluar la expresión de mensajeros de TLR3 y 4.

En los resultados obtenidos tanto en el tratamiento *“in vivo”* como *“in vitro”* se aprecia una disminución de anticuerpos antitiroglobulina y de la expresión de mensajeros de TLR3, indicándonos un efecto de metimazol sobre estos componentes del sistema inmune adaptativo e innato respectivamente.

Fuente de financiamiento: CTU 06 Biomedicina Área 3.-Estudio de los receptores TLR como posible blanco terapéutico.

BIOLOGÍA MOLECULAR- BIOQUÍMICA

138. PROMOTOR SIN TATA QUE CONTIENE EL ELEMENTO HOMOL-D DIRIGE LA TRANSCRIPCIÓN A TRAVÉS DE DDB1, RECQL Y LA MAQUINARIA DE RNA POLIMERASA II (TATA-less promoter that contain HomolD-box directs transcription through DDB1, RECQL and RNA polymerase II machinery).

Contreras-Levicoy, J., Urbina, F., Maldonado, E.

Programa de Biología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

La transcripción en eucariotes requiere de seis factores generales de transcripción llamados TFIIA, TFIIB, TFIID, TFIIE, TFIIIF, TFIIH y un promotor que reclute estos factores para formar un complejo de preiniciación. Los elementos del promotor que permiten el reclutamiento de estos factores se denominan “core promoter elements” de los cuales el más conocido y estudiado TATA-box. Sin embargo, la mayoría de los promotores carecen de este elemento y contienen otras secuencias. Uno de tales elementos es Homol-D, sin embargo, su mecanismo de transcripción es desconocido.

El objetivo de este estudio es determinar el mecanismo de transcripción dirigido por Homol-D en ausencia de TATA en promotores humanos. Usando un promotor humano que solo posee Homol-D y mediante purificación secuencial en resinas de intercambio iónico y cromatografía de afinidad se logró purificar desde extractos nucleares de células HeLa dos proteínas que contienen actividad de unión a Homol-D al ser ensayadas por EMSA: DDB1 y RECQL.

Estas proteínas además son requeridas para la transcripción *in vitro* dirigida por el promotor ATP6VIH pero no para un promotor control que posee TATA-box.

De manera adicional, mediante ensayo de inmunodepleción se determinó que los factores generales de transcripción y RNA polimerasa II son igualmente necesarios.

FONDECYT 1080222.

139. EXPRESIÓN DE SEMAFORINA 3D DURANTE EL DESARROLLO EMBRIONARIO DE VERTEBRADOS (Semaphorin 3D expression during vertebrate embryonic development).

Vera, A.; Montecinos H.; Koch, X.; Aldea D.; Marcellini S.; Caprile, T. Laboratorio de guía axonal, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

Las semaforinas de la clase 3 (3A-3F) son proteínas secretoras que participan en múltiples aspectos del desarrollo embrionario, tales como formación del sistema nervioso, corazón, hígado, riñones, sistema inmunitario y huesos. Dentro de esta familia, el miembro menos estudiado es semaforina 3D, para el cual no se ha descrito su localización y ni su función en etapas embrionarias.

En este trabajo se realizaron estudios de inmunocitoquímica e hibridación *in toto* para semaforina 3D en embriones de pollo y rana en distintos estadios de desarrollo. Los resultados obtenidos mostraron un patrón de expresión dinámico. A cuatro días de desarrollo, la expresión se localizó preferentemente en los arcos branquiales y la notocorda. Al sexto día de desarrollo la marca fue detectada en las vertebras y huesos de las extremidades en formación. A los 9 días de desarrollo aparece la presencia de semaforina 3D en la comisura posterior, tracto axonal que atraviesa la línea media del sistema nervioso central a nivel del diencéfalo.

Los resultados sugieren que semaforina 3D está involucrada en diversos aspectos del desarrollo, tales como guía axonal y osificación endocondral. Nuestro estudio comparativo revela que varios aspectos de la expresión de semaforina 3D se encuentran conservados evolutivamente entre especies de tetrápodos.

FONDECYT 1110723 y 1110756.

140. EFECTO DE LA FORTIFICACIÓN CON SELENATO DE SODIO SOBRE EL METABOLISMO DE BRASSICA OLERACEA VAR. ITALICA (Effect of the fortification with sodium selenate on the metabolism of *Brassica oleracea* var. *italica*).

Mahn, A., Sepúlveda I., Barrientos H. Departamento de Ingeniería Química, Universidad de Santiago de Chile. andrea.mahn@usach.cl

El brócoli (*Brassica oleracea* var. *italica*) tiene la capacidad de acumular Selenio como seleno-metil selenocisteína (SMSeC). Esta acumulación se debe a la acción de algunas rutas metabólicas relacionadas con la síntesis y degradación de aminoácidos y posiblemente con otras involucradas en la defensa antioxidante de la planta. El objetivo de este trabajo fue identificar las rutas metabólicas que se ven afectadas por la fertilización de brócoli con selenato de sodio, utilizando proteómica.

Las plantas (control y experimentales, n = 16) fueron cultivadas en un invernadero entre agosto y enero. El grupo experimental fue fortificado mediante la adición de 30 mL selenato de sodio 100 mM a cada maceta vía raíz una vez por semana y durante 16 semanas. Finalizado el tratamiento las inflorescencias fueron cosechadas y almacenadas a -20°C hasta su análisis. Se optimizó un método de extracción de proteínas y se analizaron mediante electroforesis bidimensional. Se detectaron 41 manchas en total, de las cuales 9 presentaron diferencias significativas (p < 0.05) con respecto al control. El análisis por espectrometría de masa de estas manchas permite proponer que las rutas metabólicas afectadas se relacionan con la respuesta a estrés, defensa antioxidantes y síntesis-degradación de aminoácidos.

Agradecimientos: Proyecto Fondecyt N°1100437 y DICYT-USACH.

141. ANÁLISIS DE TAX EN PLASMA DE SUJETOS CON PARAPARESIA ESPÁSTICA ASOCIADA AL HTLV-I Y EN PORTADORES SANOS (Analysis of Tax in plasma of subjects with spastic paraparesis associated to HTLV-I and in healthy carriers).

Godoy, E.¹, Alberti, C.¹, Barriga, A.¹, Bustamante, A.¹, Ramírez, E.², Cartier, L.³, Valenzuela, M. A.¹

¹ Departamento Bioquímica y Biología Molecular, Facultad Ciencias Químicas-Farmacéuticas, Universidad de Chile.

² Programa Virología, ICBM, Facultad Medicina, Universidad de Chile; Departamento Virología, ISP.

³ Departamento Ciencias Neurológicas, Facultad Medicina, Universidad de Chile.

El virus HTLV-I infecta insertándose en linfocitos T CD4⁺ sin infectar neuronas y puede producir una mielopatía humana asociada al HTLV-I/Paraparesia Espástica Tropical (HAM/TSP). El provirus produce la secreción de Tax, que produciría la patología afectando a neuronas motoras del SNC. La detección de Tax en el plasma puede ser un marcador temprano de la infección. En este trabajo se implementó la detección de Tax en plasma de sujetos con HAM/TSP y en los sujetos portadores sanos del virus (PSV) que corresponde a la mayoría de los infectados puesto que solo cerca del 3% de los infectados desarrolla paraparesia. En los análisis por western blot utilizando un anticuerpo monoclonal para Tax hubo interferencia por la presencia de inmunoglobulina en las muestras, lo que se hizo necesario utilizar como anticuerpo secundario un anticuerpos inunmoabsorbido contra proteínas humana. Tax se encontró significativamente aumentado en sujetos con HAM/TSP como en los PSV. También por Espectrometría de Masas en un inmunoprecitado de plasma se identificó la presencia de Tax.

Financiamiento: Proyecto Fondecyt 108-0396; Mecesus UCH 0115.

142. LA PROTEÍNA TAX DEL VIRUS HTLV-1 INTERACCIONA CON CALRETICULINA Y CON SEMA4D: FUNCIONES DE ESTAS INTERACCIONES (Tax protein from HTLV-I virus interacts with Calreticulin and Sema4D: Roles of these interactions).

Quintremil*, S., Medina, F., Puente, J., Valenzuela M. A.

Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. Becario Magíster CONICYT.

El virus linfotrópico tipo-1 (HTLV-1) inserto en el genoma de linfocitos T-CD4+ es el agente etiológico de la mielopatía Paraparesia Espástica Tropical (HAM/TSP). La proteína viral Tax secretada sería el principal factor de esta axonopatía. Tax se caracteriza por un transporte bidireccional núcleo-citoplasma, donde su interacción con calreticulina (CRT) favorece su translocación al citoplasma y probablemente posterior ingreso a la vía secretora RE-Golgi. No se ha dilucidado cómo esta proteína alcanza el SNC produciendo una axonopatía central. Se trabajó con linfocitos aislados de sangre periférica (PMBC) los cuales fueron cultivados por 16 h para detectar Tax extracelular. Mediante western blot en los medios de cultivo se detectó CRT y Tax, que es esperable si se secretan a través de la misma vía. Tax se encontró monoubiquitinada, correspondiente a una señal distinta a degradación proteosomal. En este mismo medio encontró la co-inmunoprecipitación de Tax con Sema4D soluble, proteína que está aumentada en PMBC de pacientes HAM/TSP. Sema4D al interaccionar con su receptor Plexina está involucrada en colapso axonal. Estos resultados sugieren que Tax formando un complejo con Sema4D podría dar cuenta de la axonopatía producida por el virus en el SNC.

Financiamiento: Proyecto Fondecyt 108-0396.

143. ESTRATEGIAS PARA LA IDENTIFICACIÓN DE METABOLITOS (SECUNDARIOS) EN EXTRACTOS DE PLANTAS MEDIANTE CROMATOGRAFÍA LÍQUIDA ACOPLADA A ESPECTROMETRÍA DE MASAS (Strategies for the identification of (secondary) metabolites in plant extracts by LC-MS).

Barriga, A.

Unidad de Espectrometría de Masas, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

La identificación de metabolitos (secundarios) en extractos de planta tiene alta importancia en la caracterización y diferenciación de plantas y en la identificación de compuestos con potenciales aplicaciones. La cromatografía líquida acoplada a espectrometría de alta resolución es la técnica más moderna que permite identificar cientos de compuestos, sin embargo, es todavía una herramienta de difícil y costoso acceso. Además, la ausencia de bibliotecas de compuestos dificulta el trabajo de identificación. Se proponen entonces diferentes estrategias para la identificación de metabolitos en extractos mediante HPLC acoplados a espectrómetros de masas de trampa de iones y/o triple cuadrúpolo.

Se utilizaron extractos de diferentes clases de compuestos (fenólicos, carotenoides, tocoferoles y ácidos terpénicos), los que se analizaron en un sistema HPLC acoplado a espectrómetro de masas de tipo electrospray-trampa iónica.

En base a los datos de masa y fragmentación se pueden aplicar las siguientes estrategias: (i) contraste de datos experimentales con literatura e identificación de compuestos con bases de datos

espectrométricas, (ii) determinación de fragmentos claves para establecer derivados de compuestos y búsquedas en bases de datos de compuestos, (iii) interpretación de espectros manual y asistida por programas.

Agradecimiento: MECESUP UCh 0115.

144. MECANISMOS DE INHIBICIÓN DE LA ECLOSIÓN CAUSADA POR CONTAMINANTES ACUÁTICOS (Mechanisms of hatching inhibition caused by aquatic pollutants).

De la Paz, J. F., Allende, M. L.

FONDAP Center for Genome Regulation, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La eclosión corresponde al escape del embrión del huevo. Este proceso es regulado por múltiples factores ambientales y genéticos; por lo que es altamente sensible a perturbaciones como el estrés y cambios en el medio.

La contaminación ambiental puede alterar de múltiples maneras el momento y el éxito en la eclosión de organismos como insectos, peces, anfibios o aves, pudiendo tener consecuencias a nivel individual y poblacional, impidiendo el normal desarrollo y crecimiento en etapas tempranas del ciclo de vida de los organismos.

Las industrias farmacéutica, agrícola y forestal, dispersan numerosos compuestos químicos como los fungicidas derivados del 1,2,4-triazol, estos son potenciales contaminantes acuáticos y existen evidencias de su acción teratogénica en invertebrados y vertebrados, incluyendo al ser humano.

En este trabajo se utilizó como modelo al pez cebra (*Danio rerio*) para estudiar el efecto de tres compuestos químicos de la familia de los triazoles sobre la eclosión, y explicar los posibles mecanismos celulares, moleculares y conductuales que producen este efecto, que a mediano plazo produce letalidad. Nuestros resultados demuestran que los triazoles presentan un efecto inhibitorio claro en la eclosión de las larvas de esta especie en concentraciones subletales, aspecto que debiera ser considerado en las normativas que regulan los niveles permitidos de estos compuestos en las aguas continentales.

Financiamiento: FONDAP 15090007, FONDECYT 1110275.

145. ¿CÓMO EVITAR LA DECLINACIÓN DE OXÍGENO EN BIOENSAYOS DE CONTACTO? NUEVAS METODOLOGÍAS PARA ANALIZAR MUESTRAS DE SEDIMENTOS DE AGUAS CONTINENTALES UTILIZANDO EMBRIONES DE PEZ CEBRA (How to avoid oxygen declination in contact bioassays? New methods to assess fresh water sediment samples using zebrafish embryos).

del Sol, M., Allende, M. L.

FONDAP Center for Genome Regulation, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Para monitorear calidad toxicológica de un sistema acuático, es necesario evaluar conjuntamente agua y sedimentos. Los sedimentos funcionan como reservorio de contaminantes, pero pueden transformarse en una fuente de estos al ser perturbados por agentes bióticos (fauna bentónica), climáticos (aumento de caudal) o actividades humanas (dragado de material). Existen metodologías para evaluar la calidad de sedimentos utilizando especies invertebradas, sin embargo, las ventajas que presentan los embriones de pez cebra (*Danio rerio*) los vuelven un modelo idóneo para este propósito. Entre las metodologías usadas, el "bioensayo de contacto" simula mejor las condiciones *in situ* de exposición, no obstante, los sedimentos presentan una demanda biológica de oxígeno que restringe la cantidad de oxígeno disponible. Esto genera dificultad para distinguir entre efectos producidos por contaminantes biodisponibles e hipoxia. Se presentan dos metodologías para contrarrestar esta problemática: a) ajustar el volumen de medio acuático para facilitar el intercambio gaseoso directo entre el embrión y la atmósfera; b) un sistema de aireación constante mediante bombas de aire, garantizando la saturación del medio acuático con oxígeno disuelto. Se analizan los resultados de ambas metodologías, indicando sus ventajas, desventajas y proyecciones.

Financiamiento: FONDAP 15090007, FONDECYT 1110275.

146. IDENTIFICACIÓN ESPECIE-ESPECÍFICA DE PRODUCTOS ÍCTICOS IMPORTADOS A TRAVÉS DEL ANÁLISIS MOLECULAR DE UNA SECUENCIA PARCIAL DEL GEN MITOCONDRIAL CITOCROMO-B (Species-specific identification of imported fish products through the molecular analysis of a partial sequence of the mitochondrial gene cytochrome-b).

Mancilla, J., De La Torre, F., Mora, S., Gallardo, J., Venegas, P., Mardóñez, L., Faúndez, V.

Laboratorio de Genética y Biotecnología Acuicola. Depto. Ing. Ambiental y Rec. Naturales. Fac. Ingeniería, UCSC. Instituto de Fomento Pesquero (IFOP). Depto. de Ciencias Básicas y morfología. Fac. Medicina. UCSC. jlmancilla@ing.ucsc.cl; vfaundez@ucsc.cl

En la actualidad, el etiquetamiento de productos ícticos importados en Chile es deficiente y no especifica a qué especie corresponde, denominándolos con nombres genérico. Debido a esto, no se puede conocer qué especie es, cuál es su origen y bajo qué normas de inocuidad fue procesado. Además, debido al tipo de procesamiento y presentación comercial no es posible asegurar que no ha ocurrido un fraude por sustitución. Por ello, la tendencia mundial ha ido al desarrollo de tecnologías de certificación especie-específicas basados en la utilización de secuencias de ADN que tiene la característica de ser permanente, incluso luego de su procesamiento.

Esta investigación tiene como objetivo determinar la especie original de los productos ícticos importados y comercializados en supermercados en la Región del Biobío. Para ello, se amplificó, secuenció y analizó una región parcial (400pb aprox.) del gen citocromo-b. Los resultados del análisis muestran que fue posible identificar tres especies de peces ingresadas al país. Además se discuten alternativas de identificación vía PCR-RFLP y sus mapas de restricción.

Financiación: Proyecto UCSC: DIN-02-2011.

MICROBIOLOGÍA

147. FLEXIBILIDAD DEL SEGMENTO TRANSMEMBRANA DE FTSL ANALIZADO POR DINÁMICA MOLECULAR EN UNA BICAPA LIPÍDICA (Flexibility of the transmembrane segment of FtsL analyzed by molecular dynamic in a lipid bilayer).

Villanelo, F., Poch A., Lagos R., Monasterio O.
Laboratorio de Biología Estructural y Molecular. Departamento de Biología. Facultad de Ciencias. Universidad de Chile.

En la etapa tardía de la división bacteriana, el complejo multiproteico FtsQ/FtsB/FtsL conecta los eventos citoplasmáticos (formación del anillo Z) con los periplásmicos, reclutando a la maquinaria de síntesis de peptidoglicano (FtsW/FtsI). FtsB y FtsL se unen entre ellas mediante un motivo de cierre de leucina en el periplasma, para luego unirse a FtsQ. FtsL es una proteína que sin la presencia de FtsB se degrada rápidamente. A su vez, ambas se unen a FtsQ que tiene un dominio de probable acción chaperona. En *Bacillus subtilis*, se explica la inestabilidad de FtsL en ausencia de otras proteínas por una proteasa llamada YaeL (RseP en *E. coli*). Esta proteasa reconoce e hidroliza hélices transmembrana inestables, que presentan flexibilidad y/o la presencia de residuos polares en la zona hidrófoba de la bicapa. Para *E. coli* no se ha demostrado que FtsL sea sustrato de RseP, sin embargo no ha sido posible purificar FtsL, probablemente porque el exceso de moléculas de FtsL producidas no cuentan con suficientes moléculas de FtsB o FtsQ para ser protegidas de la degradación. En este trabajo se analiza el comportamiento de la región transmembrana en un modelo de bicapa lipídica explícita mediante dinámica molecular permitiendo identificar regiones específicas de reconocimiento y corte para la proteasa RseP. Estos resultados son la base de la construcción de mutantes resistentes a la proteólisis que permiten una adecuada sobreexpresión de FtsL.

Proyecto FONDECYT 1095121.

148. ANÁLISIS DE MUTACIONES CORRELACIONADAS ENTRE PROTEÍNAS DEL CITOESQUELETO EUKARIONTE CON LA CHAPERONINA CCT ENCARGADA DE SU PLEGAMIENTO (Correlated Mutations Analysis between Eukaryotic Cytoskeleton Proteins and the CCT Chaperonin responsible of their Folding).

Escalona, Y., Lagos R., Monasterio O.
Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Las proteínas del citoesqueleto son cruciales tanto en transporte intracelular y división celular. El correcto plegamiento de su estructura se produce por diferentes proteínas, entre ellas la chaperonina CCT (cytosolic chaperonin-containing t-complex polypeptide 1), la cual consta de 16 subunidades que se agrupan formando una cavidad en donde las proteínas como actina y tubulina son plegadas. El complejo CCT posee homólogos en bacterias y arqueas, llamadas GroEL/GroES y termosomas, respectivamente, y se distingue de ellas por tener una superficie electroestática e hidrófoba asimétrica, pudiendo la interacción con sus sustratos ser específica. Esta hipótesis se basa en los patrones de interacciones de estas proteínas con la subunidades de la CCT. Hemos postulado que el plegamiento de estas proteínas del citoesqueleto tiene una coevolución con la chaperona y chaperonina. Sin embargo, no se ha podido

esclarecer cuáles son los aminoácidos cruciales en el mecanismo de plegamiento, por eso y gracias al aumento de secuencias disponibles de estas proteínas, hemos ocupado algoritmos para calcular las mutaciones correlacionadas y predecir el contacto entre residuos aminoácidos de actina, beta-tubulina y gamma-tubulina con las diferentes subunidades de la CCT. Proyecto FONDECYT 1095121.

149. IMPORTANCIA DEL SISTEMA QUORUM SENSING EN *BURKHOLDERIA PHYTOFIRMANS* PSJN PARA COLONIZAR A LA PLANTA *ARABIDOPSIS THALIANA* (Relevance of quorum sensing system in *Burkholderia phytofirmans* PsJN to colonize *Arabidopsis thaliana*).

Zúñiga, A.^{1,2}, González B.^{1,2}

¹ Laboratorio de Bioingeniería. Facultad de Ingeniería y Ciencias. Universidad Adolfo Ibáñez.

² Núcleo Milenio de Genómica Funcional de Plantas. Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad. Pontificia Universidad Católica de Chile.

Los sistemas de comunicación entre bacterias mediados por moléculas difusibles son llamados quorum sensing (QS). Estos les permiten a las bacterias coordinar la expresión de genes en altas densidades celulares. La bacteria promotora del crecimiento de plantas *Burkholderia phytofirmans* PsJN posee dos sistemas QS mediados por homoserinas lactonas (AHLs). La cepa PsJN es capaz de colonizar la planta *Arabidopsis thaliana* y aumentar su crecimiento, estableciendo una asociación benéfica con la planta. En este trabajo se determinó la importancia de los sistemas QS de la cepa PsJN para colonizar a *A. thaliana*. Se obtuvieron dos mutantes simples derivadas de la cepa PsJN en los genes que codifican para la AHL sintetas (*bpl1* y *bpl2*, del sistema QS 1 y 2, respectivamente) encargadas de sintetizar las moléculas señal AHLs. Se evaluó la capacidad de estas cepas mutantes para colonizar *A. thaliana* y promover su crecimiento. Los resultados muestran una colonización rizosférica significativamente menor de las mutantes *bpl1* y *bpl2* en comparación a la cepa PsJN. Las plantas inoculadas con las mutantes *bpl1* y *bpl2*, no presentan aumento en el crecimiento en comparación al efecto promotor producido por PsJN silvestre. Estos datos sugieren la regulación de funciones importantes en la colonización y/o promoción del crecimiento por los sistemas QS de *B. phytofirmans* PsJN.

Agradecimientos FONDECYT 11 10850. NM-PFG P06-009F.

150. COMPUESTOS ORGÁNICOS VOLÁTILES LIBERADOS POR B Y G-PROTEOBACTERIAS PROMUEVEN EL CRECIMIENTO DE ARABIDOPSIS THALIANA (Volatile organic compounds released by b and g-proteobacteria promote growth of *Arabidopsis thaliana*).

Timmermann, T., Poupin, M. J., Donoso, R., González, B.
Laboratorio de Bioingeniería, Facultad de Ingeniería y Ciencias,
Universidad Adolfo Ibáñez.

La rizósfera es un importante nicho ecológico donde ocurren diversas interacciones planta-microorganismo, que pueden ser beneficiosas, neutras o perjudiciales para las plantas. Dentro de los microorganismos benéficos se encuentran las rizobacterias promotoras de crecimiento (PGPR).

Dependiendo de la PGPR el efecto promotor de crecimiento puede estar dado por síntesis de fitohormonas, liberación de compuestos orgánicos volátiles (VOCs) y/o aumento en la disponibilidad de nutrientes y minerales.

Se han reportado PGPR del phylum Firmicutes que liberan VOCs promoviendo el crecimiento de *Arabidopsis thaliana*, sugiriéndose que estos compuestos cumplen un papel importante como moléculas señal y de defensa en plantas. Sin embargo, este fenómeno ha sido poco estudiado en proteobacterias.

En este trabajo se evaluó el efecto en *A. thaliana* de los VOCs liberados por distintas especies de b y g-proteobacterias como *Burkholderia phytofirmans*, *Pseudomonas syringae* y *Escherichia coli*. Sorprendentemente, se observó que todas estas bacterias afectan positivamente el crecimiento y contenido de clorofila de las plantas.

Adicionalmente, se determinó que este efecto promotor mediado por VOCs depende del medio de cultivo bacteriano utilizado. Esto último sugiere un cambio en la composición de la mezcla de compuestos volátiles dependiente del medio en el que se encuentre la bacteria.

Agradecimientos: NM-PFG P06-009F, FONDECYT 1110850, CONICYT 79090016.

151. ANÁLISIS DE 'TERMINAL RESTRICTION FRAGMENT LENGTH POLYMORPHISM' (T-RFLP) DE COMUNIDADES MICORRÍZICAS ARBUSCULARES (GLOMEROMYCOTA) EN ANDISOLES CON DISTINTOS GRADOS DE INTERVENCIÓN ANTRÓPICA (Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP) analysis of arbuscular mycorrhizal communities (*Glomeromycota*) in Andisols with different degree of human intervention).

Montero, H. M.¹, Díaz, L. M.^{1, 2}, Añazco, C.^{1, 2}, Alvarez, M.¹, Huygens, D.²

¹ Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución e

² Instituto de Ingeniería Agraria y Suelos, Universidad Austral de Chile. Patrocinio: Maricel Alvarez.

Las actividades antrópicas causan perturbaciones en los ecosistemas que afectan la diversidad de los microorganismos edáficos. Las optimizaciones de técnicas moleculares provee una vía para el estudio de monitoreo ambiental en comunidades microbianas del suelo. Las micorrizas arbusculares (MA) representan la simbiosis terrestre más ampliamente distribuida, regulando el intercambio de carbono, nutrientes y agua entre planta y hongo arbuscular. Se evaluó la diversidad de hongos MA en cinco sitios de estudio ubicados en la ecoregión valdiviana con diferente uso y manejo en distintos estratos del suelo

utilizando la técnica de T-RFLP (*terminal restriction fragment length polymorphism*). Se realizaron extracciones de ADN desde raíces, amplificación de ADN ribosomal utilizando partidores específicos para hongos MA marcados con fluorescencia y digestión de productos de amplificación con enzimas de restricción. Se notó un efecto de interacción sitio-profundidad del suelo y una diferencia pronunciada en abundancia de MA entre sitios con distinto uso y manejo. Se concluye que la diversidad de hongos MA y su distribución en el perfil rizosférico se ven afectados por el uso y manejo del hábitat.

Fondecyt N° 1090455.

152. PERFIL DE EXPRESIÓN GÉNICA DE CELULAS MUCOEPIDERMOIDES PULMONARES EN RESPUESTA A LA INFECCIÓN POR VIRUS RESPIRATORIO SINCICIAL (Gene expression profile of lung mucoepidermoid cells in response to respiratory syncytial virus infection).

Ampuero, S.¹, Andaur R.¹, Milano M.¹, Urzúa U.²
Programas de Virología¹ y Biología Celular y Molecular², ICBM,
Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

El virus respiratorio sincicial (VRS) es la causa principal de infección respiratoria aguda en lactantes menores de un año. Factores tanto virales como del hospedero modulan la gravedad de la infección. El objetivo de este trabajo fue determinar cambios temporales en la expresión génica de células mucoepidermoides pulmonares frente a la infección por VRS. Las células NCI-H292 fueron inoculadas con VRS y se extrajo el RNA a 0, 24h, 48h, 72h y 96h post-infección. Se obtuvieron cDNAs marcados con Cy3-dUTP y Cy5-dUTP que fueron cohibridados sobre microarreglos de genoma completo (HEEBO, 44K). Se realizaron análisis de ANOVA y "clustering". Se detectaron 533 sondas estadísticamente significativas (p<0,001) correspondientes a 338 genes únicos cuya función biológica predominante fue la respuesta inmune innata. El análisis por Gene Ontology arrojó, entre otras, las siguientes funciones enriquecidas: 21 genes de respuesta a virus (IFI44, IFI35, IRF9, IRF7), 8 genes de presentación de antígenos (HLA-B, HLA-E, B2M) y 30 genes relacionados con citoquinas (CXCL1, IL6, IL8, TLR9). Los perfiles de expresión postinfección mostraron variaciones temporales definidas como tempranas y tardías. Estos resultados aportarán en la comprensión de la patogenia del VRS en la infección pulmonar.

Fondecyt 11070254.

153. HIPERFOSFORILACIÓN Y PROCESAMIENTO DE TAU EN TRIGÉMINO DURANTE INFECCIÓN CON HSV-1 EN UN MODELO MURINO *IN VIVO* (Tau hyperphosphorylation and processing in trigeminal during HSV-1 in a murino model *in vivo*).

Martin¹, C. Valdivia¹, S. Castro¹, C. Vio², K. Concha³, M. Zambrano³, A., Otth¹. C.

¹ Instituto de Microbiología Clínica e.

² Instituto de Anatomía, Histología y Patología, Facultad de Medicina.

³ Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias; Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. cotth@uach.cl

Herpes simplex virus tipo 1 (HSV-1) es un patógeno ubicuo y neurotrópico, capaz de infectar y establecer latencia en neuronas del sistema nervioso central (SNC), sugiriéndose como un posible factor de riesgo en la enfermedad de Alzheimer. Sin embargo, en la actualidad se desconoce si existe riesgo asociado a reactivaciones recurrentes de HSV-1 a nivel del SNC en pacientes portadores asintomáticos, que puedan desencadenar deterioros progresivos de las funciones neuronales subclínicamente. El presente estudio evaluó –a nivel tisular– posibles daños neurodegenerativos durante infección intranasal con HSV-1 en un modelo murino *in vivo*. Los resultados evidencian que HSV-1 infecta neuronas del ganglio trigémino e induce eventos neurodegenerativos tempranos como hiperfosforilación (serina^{396/404}) y procesamiento de tau (reconocido por anticuerpo TauC3) desde los 7 días postinfección; con un mayor incremento a los 15 días postinfección. Estos hallazgos demuestran que HSV-1 induce hiperfosforilación y procesamiento de la proteína tau en tejido trigémino del modelo murino *in vivo*, modificaciones características de enfermedades neurodegenerativas.

FONDECYT Iniciación 11080067.

FILOGENIA Y MÉTODO COMPARADO

154. COLONIZACIÓN DE ISLAS OCEÁNICAS POR EL GÉNERO *CELLANA* (Oceanic island colonization in the genus *Cellana*).

González-Wevar, C. A.¹; Palma, A.² Poulin, E.¹

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago CHILE. E-mail: omeuno01@hotmail.com

² Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile and Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity (CASEB).

El género *Cellana* incluye más de cincuenta especies distribuidas en distintas regiones del Indo-Pacífico. A pesar de que *Cellana* muestra limitada capacidad de dispersión, muchas especies se distribuyen en islas oceánicas del Pacífico ubicadas a miles de kilómetros. Se secuenciaron 647 pb del gen COI en especímenes de *Cellana* provenientes del Indo-Pacífico y en especies de islas oceánicas (Hawaii, Polinesia Francesa, islas subantárticas de Nueva Zelanda y Juan Fernández). Se realizaron reconstrucciones filogenéticas mediante Máxima Parsimonia e Inferencia Bayesiana y se estimaron tiempos de divergencia usando el método del Reloj Molecular estricto. Los resultados indican que la diversificación de *Cellana* en el Indo-Pacífico habría ocurrido desde Oligoceno-Mioceno. Se detectaron marcadas discontinuidades en la evolución de *Cellana* y al menos tres grandes grupos. Se observaron al menos cuatro eventos de dispersión a gran escala, cada uno relacionado a la colonización de islas oceánicas particulares. La distribución trans-pacífica de muchas macroalgas sugieren que estos organismos podrían constituir vectores de transporte vía rafting, especialmente en el Hemisferio Sur.

Agradecimientos: Tesis de doctorado INACH B_01_07 and CONICYT 24090009, IDEAWILD. Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB) ICM-P05-002 y PFB-023.

155. EVOLUCIÓN DE LA MATRIZ ÓSEA EN VERTEBRADOS (The evolution of the vertebrate bone matrix).

Aldea, D.¹, Hanna P.¹, Ouilon S.², Escrivá H.², Marcellini S.¹

¹ Universidad de Concepción, Chile.

² CNRS/UPMC, Francia.

El origen de los vertebrados está estrechamente asociado con la evolución de tejido óseo mineralizado. Sin embargo, las bases moleculares del origen y de la diversificación del hueso son aún poco conocidas. Un factor clave en la producción y mineralización de la matriz ósea es la secreción de proteínas extracelulares específicas. En el presente trabajo nos enfocamos en la evolución de tres genes que componen la familia de colágenos no fibrilares: *Col10a1*, *Col8a1* y *Col8a2*. Nuestro análisis filogenético confirma que estos parálogos provienen de la duplicación de un gen ancestral durante la aparición de los vertebrados. Con el fin de entender cómo la expresión de los colágenos no-fibrilares evolucionó en los vertebrados, observamos la distribución de ARNm en embriones y en hueso del anfibio *Xenopus tropicalis*. Detectamos los transcritos de *Col8a1* a nivel de la notocorda coincidente con lo observado en peces, y una expresión de *Col8a2* en las principales células esqueléticas (osteoblastos, osteocitos y condrocitos). Es interesante destacar que *Xenopus* presenta diferencias importantes con teleosteos, aves y mamíferos, como por ejemplo la ausencia de expresión de *Col8a1* y *Col10a1* en hueso. Proponemos que en anfibios, *Col8a2* cumple el rol de los tres parálogos, y que esta divergencia evolutiva fue facilitada por el nivel de redundancia que existe entre dichos genes.

Agradecimientos: FONDECYT Regular 1110756.

156. DIVERSIDAD MOLECULAR Y MODELACIÓN DEL NICHO ECOLÓGICO PARA ESTABLECER UNIDADES EVOLUTIVAMENTE SIGNIFICATIVAS DENTRO DEL COMPLEJO *ALSTROEMERIA LIGTU* (Molecular diversity and ecological niche modeling for establishing evolutionarily significant units within the *Alstroemeria ligtu* complex).

Tapia, F. & González, A. V.

Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

El género *Alstroemeria* comprende alrededor de 60 especies distribuidas en Sudamérica. Un tercio de ellas son consideradas "complejo de especie", presentando más de dos subespecies. Este hecho sugiere que el género se encuentra en pleno proceso de especiación, por lo que los planes de manejo y conservación debieran considerar las subespecies como entidades independientes. Basado en lo anterior, el objetivo principal de este trabajo fue determinar el número de unidades evolutivamente significativas (UES) en el complejo *Alstroemeria ligtu*, compuesto por tres subespecies con alto valor ornamental y medicinal. Para ello, se probaron las hipótesis nulas de intercambiabilidad genética y ecológica propuestas por Crandall (2000) y Rader (2005). Se obtuvo material foliar de seis sitios y se registraron las coordenadas geográficas de cada ejemplar. Se caracterizaron genéticamente las poblaciones mediante marcadores moleculares (microsatélites), estimando el flujo y diversidad genética existente entre las poblaciones de *Alstroemeria ligtu*. Posteriormente, se modeló el nicho ecológico de cada subespecie, considerando las variables climáticas asociadas a cada población. Ambos resultados permitieron rechazar las

hipótesis de intercambiabilidad genética y ecológica, sugiriendo que las subespecies representan tres unidades evolutivamente significativas distintas, las que debieran ser consideradas separadamente en los planes de manejo y conservación de recursos.

Agradecimientos: PBCT/PSD-66, VID I 09/07-2 (AG).

157. HISTORIA EVOLUTIVA DE *LIOLAEMUS CHILIENSIS* EN ESCENARIOS TOPOGRÁFICOS Y CLIMÁTICOS CONTRASTANTES: UNA APROXIMACIÓN BASADA EN VARIACIÓN GENÉTICA Y MODELAMIENTO DE NICHO ECOLÓGICO (Evolutionary history of *Liolaemus chiliensis* in different topographic and climatic scenarios: and approach based on genetic variation and niche modeling).

Hurria, A.¹; Victoriano, P.¹

¹ Depto. Zoología. Universidad de Concepción. Chile.

La determinación de los factores que han influenciado la distribución de las especies y los patrones de estructuración de las poblaciones, involucra una interrogante vigente para el sur de Sudamérica. Los eventos orogénicos (e.g. Andes) y paleoclimáticos (e.g. UMG), han generado cambios a lo largo de la historia, teniendo un efecto en el comportamiento demográfico y la distribución geográfica de la variación genética. *Liolaemus chiliensis*, se distribuye desde los 30°S a los 41°S, abarcando una amplia gama de escenarios biogeográficos, tanto en zonas históricamente estables como inestables climáticamente. Se utilizaron secuencias de ADN nuclear y mitocondrial para reconstruir las relaciones filogenéticas y demográficas de la especie, así como también un MNE para estimar distribuciones potenciales actuales y pasadas, determinando áreas de estabilidad e inestabilidad climática histórica. La reconstrucción de relaciones de parentesco de haplotipos indica un arreglo geográfico complejo, pudiendo haber involucrado eventos de contacto secundario, principalmente en el rango centro-norte de su distribución Zona Mediterránea). Zonas glaciadas y periglaciales, correspondientes a áreas de inestabilidad climática histórica, coincidentes con una menor heterogeneidad del relieve, presentan una reducida estructuración y variabilidad genética. Los resultados sugieren para esta especie efectos periglaciales importantes sobre su historia microevolutiva.

Fondecyt-1090664, OISE-NSF0530267

158. PATRONES GEOGRÁFICOS DE DIVERSIDAD EVOLUTIVA Y VALORES DE CONSERVACIÓN DE LA LAGARTIJA DEL ÁREA MEDITERRÁNEA CHILENA *LIOLAEMUS LEMNISCATUS* (Geographic patterns of evolutionary diversity and conservation values of *Liolaemus lemniscatus*, a Chilean Mediterranean region lizard).

Coronado, T.^{1,2}, Victoriano, P.¹

¹ Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

² Magíster en Ciencias m/Zoología, Universidad de Concepción.

El área Mediterránea chilena, aunque ha sido descrita como paleoclimáticamente estable, ha estado influenciada indirectamente por las glaciaciones Pleistocénicas, con efectos diferenciales latitudinales y altitudinales. Esto pudo modelar los patrones geográficos de diversidad filogenética (DF) de *L. lemniscatus* (31,5°S-38°S). Esta zona ha experimentado diferentes intensidades de intervención antrópica aparentemente no correlacionadas con los niveles de estabilidad histórica. Se calcularon valores de DF intraespecíficos, y se analizaron en función de los niveles de estabilidad climática histórica y grados de intervención. A través de delimitaciones geográficas de linajes y modelamientos del hábitat potencial actual y pasado (UMG) se determinó una asociación de altos índices de DF en áreas de alta estabilidad climática histórica, pudiendo ser este atributo un predictor de valores de conservación intraespecíficos. Sin embargo, en ciertos casos, la alta DF se debería a la codistribución de distintos linajes (linajes simpátricos), debido a dispersión confluyente desde áreas de origen diferentes. Los valores de DF no se correlacionan con los estados de conservación territorial, lo que hace relevante considerar la historia evolutiva de las especies al diseñar estrategias de conservación.

Fondecyt-1090664, OISE-NSF0530267.

159. EVOLUCIÓN DEL TAMAÑO COLONIAL Y EL ORIGEN DE LA EUSOCIALIDAD EN ABEJAS CORBICULADAS (HYMENOPTERA: APINAE) (Colony size evolution and the origin of eusociality in corbiculate bees (hymenoptera: apinae)).

Inostroza-Michael, O., Rodríguez-Serrano, E., Avaria-Llautereo, J., Hernández, C. E.

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

A pesar de las numerosas hipótesis que se han propuesto para tratar de explicar el origen y la mantención de la eusocialidad en insectos, se han realizados pocos esfuerzos para entender las presiones evolutivas que han dirigido la transición desde sociedades simples a complejas. Recientemente, ha sido propuesto que el determinante principal de la complejidad social en Hymenoptera es el tamaño colonial. La existencia de colonias numerosas reduce el éxito reproductivo de los trabajadores debido a la disminución en su probabilidad de ser parte de la casta reproductora. Por lo tanto, el origen de las castas es una consecuencia directa de este proceso. En este estudio evaluamos la evolución del tamaño colonial y de la estructura social de abejas corbiculadas y la correlación evolutiva entre estos dos rasgos. Nuestros resultados muestran que hay una tendencia evolutiva hacia mayores tamaños coloniales y hacia estructuras sociales más complejas. Además, nuestros resultados muestran que la evolución hacia estructuras sociales más complejas está correlacionada

a un incremento en el tamaño colonial a través de la historia evolutiva de este grupo, soportando la hipótesis de que el principal determinante de la complejidad social en Hymenoptera es el tamaño colonial.

Patrocinador: Cristián Hernández Ulloa.

160. EVOLUCIÓN DEL TAMAÑO CORPORAL EN ROEDORES ORYZOMINOS ACTUALES: ¿REGLA DE COPE O MINIATURIZACIÓN? (Body size evolution in extant Oryzomyini rodents: Cope's rule or miniaturization?).

Avaria-Llautereo J.^{1,3}, Hernández C. E.¹, Morales-Pallero B.^{2,3}, Boric-Bargetto D.^{1,4}, Canales-Aguirre C. B.¹ & Rodríguez-Serrano E.¹

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

² Departamento de Estadística, Universidad de Valparaíso, Valparaíso-Chile.

En la macroevolución del tamaño corporal, una de las primeras y más importantes hipótesis es "la regla de Cope". Esta regla tiene considerable apoyo empírico en el registro fósil, y predice que el tamaño de las especies dentro de un linaje aumenta a través del tiempo. Sin embargo, también hay una gran cantidad de evidencia que indica el patrón opuesto de miniaturización. Un análisis filogenético comparativo reciente, que incorporó solamente la incertidumbre del modelo evolutivo, no encontró evidencia de alguna tendencia evolutiva en mamíferos. Aquí utilizamos métodos estadísticos Bayesianos que consideran simultáneamente la incertidumbre filogenética y del modelo de evolución, para discernir entre la regla de Cope y la miniaturización en roedores de la tribu Oryzomyini. Los resultados mostraron que el tamaño corporal en este grupo evolucionó de acuerdo a las relaciones filogenéticas, con una tendencia negativa a partir de un ancestro de tamaño medio-grande. Sugerimos que la alta diversidad y la especialización que actualmente se observa en la tribu Oryzomyini es una consecuencia de la tendencia evolutiva de la miniaturización.

Patrocinador: Cristián E. Hernández Ulloa

FONDECYT 11080110, Beca CONICYT Magister(3) y Doctorado(4).

161. ORIGEN, DIVERSIFICACIÓN Y BIOGEOGRAFÍA HISTÓRICA DE LOS HYRIIDOS SUDAMERICANOS (Origin, diversification and historical biogeography of the Southamerican Hyriids).

Fuentealba C.¹, Avaria-Llautureo J.^{1, 3}, Figueroa R.². & C. E. Hernández¹.

¹ Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

² Unidad de Sistemas Acuáticos, Centro EULA-Chile, Universidad de Concepción, Concepción, Chile cfuentea@udec.cl

El origen de los hyriidos sudamericanos ha sido complejo de abordar y la evidencia ha sido pivotante entre clásicas hipótesis poco robustas. Trabajos preliminares basados en evidencia fósil, han sugerido un origen norteamericano y otros basados en la filogenia y distribución geográfica actual han sugerido un origen desde Australasia. Este estudio evalúa el origen, diversificación y rutas de colonización de los hyriidos sudamericanos mediante el método comparativo filogenético con Inferencia Bayesiana. Nuestros resultados sugieren que el origen de los Hyriidos sudamericanos es australiano y ambos se habrían originado desde un ancestro común proveniente desde Nueva Zelanda. La estimación de los tiempos de divergencia revelan que los hyriidos sudamericanos presentan una datación aproximada de 92 Ma. Esta nueva evidencia sugiere como mecanismo causal vicariante, la formación de una cuenca marina profunda llamada Cuenca Rocas Verdes, evento que habría desconectado la Península Antártica de Sudamérica hace aproximadamente 155-93 Ma, causando el aislamiento definitivo de los hyriidos sudamericanos.

Agradecimientos: Lab. Diversidad Molecular y Filoinformática. Beca CONICYT Magister (3). Proyecto FONDECYT 11080110.

162. NUEVAS ESPECIES DE LAGARTOS LIOLAEMUS PERTENECIENTES AL COMPLEJO ELONGATUS-KRIEGI (Two new species of *Liolaemus* lizards belonging to the *elongatus-kriegi* complex).

Esquerré, D. N.; Núñez, H.; Scolaro, A.

Museo Nacional de Historia Natural Patrocinante: R. Eduardo Palma, Departamento de Ecología y CASEB, P. Universidad Católica de Chile.

La gran mayoría de especies de lagartos del género *Liolaemus* presenta poros prelocales en los machos, con algunas excepciones pertenecientes a los grupos *lineomaculatus*, *neuquensis* y al complejo *elongatus-kriegi*. El complejo *elongatus-kriegi*, del subgénero *Liolaemus* (*sensu stricto*), se compone de lagartos saxícolas y vivíparos, distribuidos entre las zonas cordilleranas de Chile y Argentina. Realizamos una revisión de la historia taxonómica del grupo y describimos dos nuevas especies, *Liolaemus garini*, perteneciente a las cercanías de Laguna del Maule, y *Liolaemus damense*, descrita desde la población que originalmente estaba descrita como *L. cf. ceii*, del río Las Damas, VII Región, Chile, eliminándose a *L. ceii* del territorio chileno. Ambas especies presentan como carácter la ausencia de poros prelocales, y sugerimos sus posibles relaciones sistemáticas en el género *Liolaemus*. Se realizó un análisis filogenético basado en morfología externa, usando el criterio de Máxima Parsimonia. A través de diafanizados, estudiamos sus caracteres osteológicos. Concluimos que cada vez es más claro que las especies carentes de poros prelocales no forman un grupo monofilético y que la filogenia usando solo caracteres exomorfológicos, al menos para este grupo de reptiles, no basta para establecer relaciones filéticas sólidas, y que se necesita complementar con otro tipo de evidencias.

Agradecimientos: Eduardo Palma, Carlos Garín.

163. RELACIONES FILOGENÉTICAS EN TELMATOBIUS DE CHILE, ANÁLISIS PRELIMINAR (Phylogenetic relationships of *Telmatobius* in Chile, preliminary analysis).

Sáez, P. A.¹, Sallaberry, M.², Correa, C.^{1, 3} y M. A. Méndez¹.

¹ Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Laboratorio de Zoología de Vertebrados, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

³ Laboratorio de Biología Evolutiva, Departamento de Ecología, Universidad Católica de Chile.

Los anfibios del género *Telmatobius*, de hábitos exclusivamente acuáticos, se distribuyen en los Andes de Ecuador, Perú, Bolivia, Argentina y Chile. En Chile se han descrito 10 especies, la mayoría endémicas. Desde un punto de vista taxonómico y biogeográfico los *Telmatobius* en Chile se pueden dividir en dos grupos: uno norte, conformado solo por *T. marmoratus*; y uno sur, que incluye a las especies del complejo *halli* (*T. dankoi*, *T. fronteriensis*, *T. halli*, *T. philippii*, y *T. vilamensis*). Además de estos grupos, existen especies aisladas en las quebradas del borde occidental de los Andes (*T. peruvianus*, *T. zapahuirensis*, *T. chusmisensis* y *T. pefauri*). Un análisis filogenético con DNA mitocondrial (citocromo b y 16S) mostró respaldo solo para el complejo *marmoratus*. Además, se observó un grupo en los salares de Ascotán y Carcote, más relacionado con las especies bolivianas, y otro que ocupa todo el margen occidental de los Andes. Este último podría representar poblaciones relictas de un linaje que se expandió hacia el oeste desde el Altiplano. Este es el primer estudio filogenético molecular de *Telmatobius* en Chile.

Financiamiento: FONDECYT 1110188, Proyecto Domeyko Inicial Transversa 1, Universidad de Chile.

164. FILOGENIA MOLECULAR DE ORESTIAS DE CHILE INFERIDA A PARTIR DE TRES MARCADORES MITOCONDRIALES (Molecular phylogeny of Chilean *Orestias* inferred from three mitochondrial markers).

Morales, P., Scott, S., Vila, I., Méndez, M.

Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

El género *Orestias* comprende 44 especies que se distribuyen a lo largo del Altiplano de Perú, Chile y Bolivia. Seis de estas especies se encuentran en territorio chileno y han sido descritas en base a caracteres morfológicos. Para estimar las relaciones filogenéticas de las especies de *Orestias* chilenas se utilizaron tres marcadores mitocondriales (D-loop, ND2, Cyt b). En los análisis se incluyeron todas las especies descritas y poblaciones nuevas muestreadas en la XV, I y II Región (4 a 21 individuos por población/especie; 156 individuos en total). En la filogenia resultante se obtuvieron cuatro linajes: (I) las poblaciones del río Isluga (*O. agassii*), del bofedal Umaqui y del bofedal Colpa (*Orestias* sp.), grupo cercano a la raíz y grupo hermano de: (II) la población del salar de Carcote (*Orestias* sp.), (III) las poblaciones del Parque Nacional Lauca (incluye las especies *O. chungarensis*, *O. piacotensis*, *O. laucaensis* y *O. parinacotensis*), y (IV) las poblaciones del salar de Ascotán (*O. ascotanensis*), del río Collacagua y del salar de Huasco (ambas descritas como *O. agassii*) y del río Lirima (*Orestias* sp.).

Se discute el patrón de diversificación encontrado entre linajes en base a procesos de diferenciación alopatricos y ecológicos.

Agradecimientos: FONDECYT 1110243.

PALEOBOTÁNICA

165. VARIACIÓN MILEMIAL/SUBMILENIAL DE CLIMA Y VEGETACIÓN DURANTE LOS ÚLTIMOS 18.000 AÑOS EN LAGO LEPUÉ, ISLA GRANDE DE CHILOÉ (Millennial/Submillennial variation of climate and vegetation during the last 18,000 years in Lago Lepué, Isla Grande de Chiloé).

Pesce, O. H., Moreno, P. I.

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

En esta presentación mostraremos resultados palinológicos de alta resolución temporal (40 años entre muestras) generados a partir de testigos sedimentarios de Lago Lepué (42°48'29"S -73°43'5"O), en Isla Grande de Chiloé, para examinar variaciones en la vegetación y paleofuegos a escalas de tiempo milenial/submilenial, inmersas en un patrón multimilenial de cambio desde 18 ka (ka= 1.000 años antes del presente). Este registro evidencia condiciones frías y húmedas entre 11.7-17.5 ka, inferido por la dominancia de taxa de bosque norpatagónico; posteriormente, entre 7.8-11.7 ka predominan condiciones cálidas y secas respecto al periodo anterior, inferido por la disminución de los taxa de bosque norpatagónico a partir de 11,7 ka y el posterior incremento los taxa de bosque valdiviano a partir de 9.8 ka. Luego, entre 2-7.8 ka observamos un incremento de los taxa de bosque norpatagónico y mezcla con elementos de bosque valdiviano, evidenciando un incremento sostenido de las precipitaciones y disminución de las temperaturas. A partir de 2 ka observamos alta variabilidad vegetacional que implica una alta inestabilidad climática hacia la actualidad. Encontramos momentos de alta ocurrencia de fuego entre 8.5-12 ka y 1-2.4 ka. Estos resultados implican un control climático en escalas temporales mileniales/centenales, además de la variación multimilenial de los Vientos del Oeste desde 18 ka.

Agradecimientos: Fondecyt 1110612, ICM P02-51 y PFB-23.

166. REGISTRO FÓSIL DE ARAUCARIA (ARAUCARIACEAE) EN EL CENOZOICO DE CHILE CENTRAL (Fossil Record of Araucaria (Araucariaceae) during the Cenozoic in Central Chile).

Pino, J. P.^{1,2}, Gutiérrez, N. M.^{1,2} & Hinojosa L. F.^{1,2}

¹ Laboratorio de Paleocología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad.

Fósiles de Araucaria se encuentran distribuidos en todo el mundo. Actualmente en el sur de Sudamérica, la familia está representada por dos especies, *Araucaria araucana* y *Araucaria angustifolia*. Estas dos especies se distribuyen en forma disyunta, separadas por la Diagonal Árida (DA). Hacia el occidente de esta barrera, *A. araucana* se distribuye principalmente en Chile y Argentina en la cordillera de los Andes entre los 37°-40°S, desde los 800 hasta 1.700 msnm; y en la Cordillera de Nahuelbuta entre los 37°-38°S por sobre los 1.000 y hasta los 1.400 msnm, formando parte de los bosques templado lluviosos. Hacia el oriente de la DA, *A. angustifolia* se distribuye principalmente en Brasil, pero también en el noreste de Argentina, Paraguay y Uruguay, en regiones tropicales-subtropicales entre altitudes de 50 a 1.800 msnm.

En este trabajo se describe la presencia de material paleobotánico afín a *Araucaria* durante el Mioceno en la Formación Navidad, Chile Central (34°S). Se discuten las diferencias morfológicas a nivel de macrorrestos vegetales y polen; se realiza la comparación con especies actuales. Se discuten los factores ambientales bajo los cuales ambos taxa cohabitaron y la implicancia del hallazgo en la evolución del género en Sudamérica.

Agradecimientos: FONDECYT 1090339/1110929; IMEB P05-002,PFB-23.

167. CUTICULAS FOSILES DE LAURACEAE DEL OLIGOCENO-MIOCENO DE CHILE CENTRAL (Lauraceae fossil Cuticles from Oligocene-Miocene of Central Chile).

Carvajal, F.^{1,2}; Gutiérrez, M.^{1,2}, Hinojosa, L. F.^{1,2} & Cifuentes, C.¹

¹ Laboratorio de Paleocología, Universidad de Chile.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad.

La familia Lauraceae es una de las familias tropicales-subtropicales más grande de las plantas leñosas. Las hojas de Lauraceae muestran una diversidad de venación, incluyendo acródroma, brochidódroma y camptódroma, por lo tanto las impresiones fósiles no pueden ser asignadas dentro de la familia con precisión. Es así como los caracteres anatómicos de cutículas foliares son una excelente herramienta para soportar la identificación taxonómica.

En este trabajo se presenta el reporte de la presencia de la familia Lauraceae para el Oligoceno-Mioceno, en la localidad de San Pedro de los Ríos, Provincia de Valdivia, así como su descripción morfológica a partir de la impronta foliar y de los caracteres anatómicos de su cutícula.

Se encontró que el aspecto más prominente observado en la identificación, fue el complejo estomático, porque aunque el patrón característico de la familia es paracítico, en este ejemplar parece ser anomocítico, esto se explica porque las células secundarias toman la forma característica de las células guarda observadas en otras familias, mientras las verdaderas células guarda están embebidas o hundidas, este rasgo parece ser una sinapomorfia que une las Lauraceae fósiles y extintas de todo el mundo.

Agradecimientos: Fondecyt 1090339,IMEBP05-002, PFB-23.

168. DIVERSIDAD DE PALEOBRIÓFITAS EN DEPÓSITO DE MACRORRESTOS VEGETALES EN RÍO CAUNAHUE, CHILE (Palaeobryophyta diversity in macrofossils deposit in río Caunahue, Chile).

Castillo, L.^{1,2}, Larraín, J.³, Vera, F.^{1,2}, Pérez, F.^{2,4,5} e Hinojosa, L. F.^{1,2}

¹ Laboratorio de Paleocología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² IEB.

³ Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

⁴ Laboratorio Ecología Molecular y Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

⁵ CASEB.

La presencia de briófitas en registros de macrorrestos vegetales ha sido documentada para el hemisferio norte, sin embargo, existe escasa evidencia de macrorrestos que incluyan briófitas en nuestra región. El análisis de estos elementos puede complementar la información obtenida del análisis de macrorrestos de plantas vasculares, y entregar nuevos datos acerca de las condiciones ecológicas en las que estos ensambles se habrían desarrollado.

El análisis de la columna estratigráfica del depósito del río Caunahue - XIV Región de los Ríos, Chile (40°7'58.85" S - 72°14'5.99" W, Holoceno) presenta gran diversidad de macrorrestos subfósiles de plantas vasculares, dominada por *Nothofagus dombeyi*. Se identificó, además, presencia de briófitas en todas las secciones analizadas, datadas entre los 4994 y los 15446 Cal. AP, en porcentajes que varían entre 1,07% y más de 60% respecto del total de macrorrestos vegetales. En la presente contribución presentamos los cambios en la diversidad y abundancia de briófitas en las distintas secciones de la columna, y describimos las asociaciones que se presentan en cada nivel.

Agradecimientos: Proyectos FONDECYT 1090339, IMEB P05-002, PFB-23.

169. SIGNIFICADO PALEOGEOGRÁFICO Y EVOLUTIVO DE LAS FLORAS AUSTRALES DE PATAGONIA Y ANTÁRTICA DURANTE EL CRETÁCICO SUPERIOR (Palaeogeographic and evolutionary significance of the Austral floras from Patagonia and Antarctica during the Upper Cretaceous).

Cisterna, K.^{1,2}, Leppe, M.¹, Mihoc, M.², Varela, N.², Stinnesbeck, W.³, Mansilla, H.⁴ y Jujihara, T.⁴

¹ Laboratorio de Paleobiología, Instituto Antártico Chileno, Plaza Muñoz Gamero 1055, Punta Arenas, Chile.

² Universidad de Concepción, Chile.

³ Institut für Geowissenschaft, Heidelberg Universität, Alemania.

⁴ Universidad de Magallanes, Chile.

La compleja dinámica tectónica de Sudamérica austral ha logrado durante la última década finalmente validar algunos grandes y gruesos modelos que explican la conexión entre Sudamérica y Antártica. Existe consenso en afirmar que ambas masas de tierra permanecieron separadas desde el Jurásico Superior hasta el Turoniano hace unos 90 ma. A partir de entonces, ambas masas alternan periodos de reconexión y separación. Se postula que dichos eventos vicariantes deberían reflejarse en el rico registro de plantas terrestres de la época, evidenciados a través de análisis de Panbiogeografía. Los resultados indican que existieron dos grandes eventos vicariantes en las floras austral-antárticas del Cretácico Superior, y que la flora fósil de la cuenca de James Ross

(Antártica), estaría más relacionada que la de las Shetland del Sur con Patagonia Austral. Lo anterior se conectaría con la aparición de la Cuenca de Magallanes y la apertura de canales marinos en la base de la Península Antártica, durante dicho período.

Patrocinio: Dr. Marcelo González Aravena.

Agradecimientos: Fondecyt 11080223, BMBF CHL10/A09.

170. PALEOVEGETACIÓN Y PALEOCLIMA DURANTE EL TÉRMINO DE LA ÚLTIMA GLACIACIÓN EN PATAGONIA CENTRO (Paleovegetation and paleoclimate during the last glacial termination in Central Patagonia).

Henríquez-González, W. I.¹, Villa-Martínez, R.², Moreno, P. I.¹

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad y Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile, Chile.

² Centro de Estudios del Cuaternario, Punta Arenas, Chile.

Presentamos resultados de un estudio polínico de alta resolución a partir de testigos sedimentarios de lago Edita (47°S, 72°W; ~570 m.s.n.m), un pequeño lago de cuenca cerrada ubicado en Valle Chacabuco, con el objetivo de examinar la paleovegetación y paleoclima local durante el término de la última glaciación. El registro muestra un paisaje abierto dominado por hierbas y arbustos con elementos de bosque templado siempreverde Norpatagónico entre 11-17.5 ka (ka= 1000 años cal AP) bajo condiciones más frías y húmedas que las actuales. Un incremento de temperaturas y disminución de precipitación a los ~11 ka llevaron a la desaparición de los elementos de bosque templado siempreverde a inicios del Holoceno y al predominio de bosques de *Nothofagus*, muy probablemente de especies deciduas. Nuestros resultados indican presencia local de elementos de bosque templado higrófilo en estrecha cercanía con el margen este del manto de hielo Patagónico durante el término de la última glaciación y, muy probablemente, durante el último máximo glacial. Actualmente este bosque se encuentra restringido a la vertiente pacífica de Patagonia Centro, lo cual sugiere una ruta trasandina de colonización postglacial una vez que glaciares andinos y paleolagos represados por hielo dejaron de ser una barrera geográfica para su dispersión hacia la costa pacífica durante el término de la última glaciación.

Agradecimientos: FONDECYT 1080485, ICM P05-002, PFB-23, Becario CONICYT.

171. CAMBIOS EN EL BOSQUE MAGALLÁNICO DURANTE LOS ÚLTIMOS 2.400 AÑOS, SECTOR ÚLTIMA ESPERANZA-TORRES DEL PAINE (51°S) (Changes in the Magellanic Forest over the last 2.400 years, Última Esperanza-Torres del Paine sector [51°S]).

Vilanova I., Patricio I., M., Villa-Martínez, R.
Museo de Ciencias Naturales, Sección Palinología del Cuaternario, CONICET, Buenos Aires. Argentina.

Análisis de polen y carbón macroscópico recuperados de testigos sedimentarios de lago Cipreses (51°S), Patagonia SO, revelan predominio de Bosque Magallánico con coníferas (*Pilgerodendron uviferum*) e incidencia periódica de incendios durante los últimos 2.400 años, lo que indica condiciones templado-húmedas y recurrencia de sequías a escalas de tiempo centenal. Eventos locales de fuego provocaron claros en el bosque favoreciendo el aumento de hierbas, arbustos y helechos. Incrementos coetáneos de Cyperaceae asociados a estos episodios sugieren descensos leves del nivel lacustre en respuesta a disminución en los montos anuales de precipitación, el último de los cuales comenzó hace ~150 años. Las variaciones de precipitación inferidas a partir de lago Cipreses implican cambios en la intensidad o posición de los vientos del oeste de las latitudes medias del Hemisferio Sur (VO), considerando la actual correlación entre precipitación local y flujo zonal de los VO. El registro de lago Cipreses sugiere entonces fluctuaciones seculares en los VO cuya cronología coincide con eventos paleoclimáticos reconocidos en Europa y algunos sectores del Hemisferio Sur a escalas de tiempo centenal durante los últimos 2.000 años.

172. VARIABILIDAD INTERDECADAL DE LOS BOSQUES TEMPLADO-LLUVIOSOS DEL CENTRO-OESTE DE ISLA GRANDE DE CHILOÉ DURANTE LOS ÚLTIMOS 8.300 AÑOS (Interdecadal variability of the temperate rainforest from west-central Isla Grande de Chiloé during the last 8.300 years).

Gonzalorenna, L. A., Moreno, P. I.
Instituto de Ecología y Biodiversidad y Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

En este trabajo presentamos registros de polen y carbón macroscópico de alta resolución temporal (~17 años entre muestras) desarrollados a partir de testigos sedimentarios de lago Tarumán (42°42'27.58"S 73°55'48.75"O). Este sitio es un pequeño lago intermorrénico que se ubica en el centro-oeste de Isla Grande de Chiloé en un sector templado-lluvioso con fuerte influencia oceánica y escasa influencia volcánica. Nuestro objetivo es examinar en detalle cambios pasados en la vegetación, clima y regímenes de perturbación (paleofuegos, depositación de tefras, actividad humana) local, así como sus relaciones recíprocas durante los últimos ~8.300 años. El registro muestra constante presencia de bosques nordpatagónico/valdivianos con predominio de *Nothofagus* tipo *dombeyi*, bosque cuya composición y estructura varían en respuesta a periodos frío-húmedos (con predominio relativo de taxa nordpatagónicos), cálido-secos (con mayor representación de taxa valdivianos), depositación de tefras y ocurrencia de fuego. Contrario a otros sitios de la región, no detectamos perturbación significativa de origen europeo, permitiendo establecer comparaciones con sectores más severamente afectados por dicho impacto. Por ello pensamos que el registro de lago Tarumán ofrece la oportunidad de monitorear cambios vegetacionales genuinamente climáticos durante la

conquista y colonia española en los últimos ~450 años y con escasa influencia volcánica a lo largo de todo el registro.

Agradecimientos: FONDECYT 1110612, ICM P05-002, PFB-23, Beca CONICYT.

173. CAMBIO VEGETACIONAL EN EL SECTOR DE LLANQUIHUE DURANTE LOS ÚLTIMOS ~2.000 AÑOS: INFLUENCIA DEL CLIMA Y PERTURBACIÓN ANTRÓPICA (Vegetation change in the Llanquihue area during the last ~2.000 years: climatic and human disturbance influences).

Videla-Contreras, J. y Moreno, P. I.
Instituto de Ecología y Biodiversidad y Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile.

Muy pocos estudios en Chile han examinado en detalle la cronología y estructura de cambio vegetacional y climático durante los últimos 2.000 años. Este marco temporal es adecuado para examinar los rangos de variabilidad natural de la vegetación y regímenes de perturbación bajo escenarios climáticos similares, pero no idénticos, al actual. En este trabajo presentamos un registro polínico de alta resolución de lago Pichilaguna (41°S), Región de Los Lagos, que sugiere alternancia vegetacional a escala de tiempo centenal entre períodos dominados por taxa del bosque valdiviano asociados a clima relativamente cálido-secos y taxa característicos del bosque nordpatagónico, de clima relativamente más frío y húmedo. Además registramos oscilaciones en la frecuencia de paleofuego, factor de perturbación que afecta la dominancia de especies arbóreas y cuya ocurrencia natural está asociada a recurrencia de veranos secos. A partir de 1550 AD la perturbación humana pasa a ser el factor determinante de la vegetación, se observa un incremento sin precedentes de herbáceas y la aparición de especies introducidas. Estos resultados nos permiten establecer comparaciones con los patrones y tasas de cambio en respuesta a factores climáticos y perturbación antrópica desde inicios de la conquista y colonia española.

Agradecimientos: FONDECYT 1110612, ICM P05-002, PFB-23.

174. VEGETACIÓN Y CLIMA DURANTE LA ÚLTIMA TRANSICIÓN GLACIAL-POSTGLACIAL EN PATAGONIA CENTRO REVELADOS POR EL REGISTRO DE LAGO AUGUSTA (47°S) (Vegetation and climate during the last glacial-postglacial transition in central Patagonia revealed by the Lago Augusta record (47°S).

Villa-Martínez, R. P.¹ y Moreno P. I.²

Centro de Estudios del Cuaternario (CEQUA), Punta Arenas.
Instituto de Ecología y Biodiversidad y Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile.

Presentamos resultados de un registro de polen proveniente de lago Augusta (47°05'S, 72°23'W), un lago pequeño ubicado cerca del actual ecotono bosque-estepa, con el propósito de reconstruir variaciones pasadas de los vientos del oeste. El registro muestra un paisaje dominado por herbáceas, arbustos y elementos del bosque templado nordpatagónico entre 15.6-16 ka (ka=1000 años cal AP), bajo condiciones climáticas frías y húmedas. Variaciones a escala milenial de *Fitzroya/Pilgerodendron* entre 11.6-13.4 ka sugiere fluctuaciones de precipitaciones en condiciones de clima frío y húmedo. *Nothofagus* incrementa rápidamente a partir de 11.6 ka junto con disminución de coníferas higrófilas y resistentes al frío, sugiriendo incremento de temperaturas y disminución de las precipitaciones a comienzos del Holoceno. *Nothofagus* alcanza valores máximos a los 9.8 ka manteniéndose con pocas variaciones hasta la actualidad. Una abrupta disminución del bosque ocurre durante los últimos siglos, junto a un incremento de *Rumex*, una hierba exótica indicadora de perturbación humana. Variaciones de la precipitación inferidas en este registro sugieren mayor influencia de vientos del oeste entre 11.6-16 ka, un debilitamiento entre 9.8-11.6 ka seguido por un fortalecimiento desde entonces.

Agradecimientos: Fondecyt 1080485, ICM P05-002, PFB-23.

175. CAMBIOS MULTICENTENIALES DEL RÉGIMEN DE PRECIPITACIONES DEL ALTIPLANO SUDAMERICANO INFERIDOS A PARTIR DEL CRECIMIENTO DE POLYLEPIS TARAPACANA (Multicentury precipitation changes in the Altiplano inferred from *Polylepis tarapacana* tree-ring growth).

Christie, D. A.^{1*}, Morales, M.², Alvarez, C.¹, Silva, J.¹, Llancabure, J. C.¹, Villalba, R.², Pacajes, J.³

¹ Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile.

² IANIGLA-CONICET, Argentina.

³ Universidad Mayor de San Andrés, Bolivia.

* duncanchristieb@gmail.com

A partir de la segunda mitad del s XX la región del Altiplano sudamericano ha experimentado una positiva tendencia al calentamiento y un retroceso significativo de sus glaciares, lo cual ha ocurrido de la mano con un aumento significativo de la presión sobre sus recursos hídricos. Lo breve y fragmentado de los registros instrumentales de precipitaciones actualmente limita la evaluación del impacto de posibles cambios hidroclimáticos sobre este ecosistema semiárido. En esta región se ubican los bosques a mayor altura del mundo compuestos por *Polylepis tarapacana* (4.000-5.200 m.s.n.m.). La extraordinaria longevidad y la estrecha relación entre el crecimiento radial de esta especie y las precipitaciones, nos permite reconstruir esta variable durante el último milenio utilizando técnicas dendrocronológicas.

Nuestros resultados indican que el crecimiento de *P. tarapacana* es capaz de explicar ~50% de la varianza de las precipitaciones, y a lo largo del último milenio muestra una fuerte ciclicidad espectral decadal coherente con ENSO. Nuestro registro paleoclimático es coherente con la señal indicada por testigos de hielo y documentos históricos de la colonia, lo cual brinda oportunidades para futuros estudios multiproxies del hidroclima de esta región.

Agradecimientos: FONDECYT11080169, IAI-CRNII#2047.

176. COMPARACIÓN DE LA TOLERANCIA AL FRÍO ENTRE POBLACIONES DE NOTHOFAGUS DOMBEYI PROVENIENTES DE DOS REFUGIOS GLACIARES DEL CUATERNARIO (Comparison of cold tolerance between populations of *Nothofagus dombeyi* from two glacial refugia Quaternary).

Aguilera, M. P.¹, Hinojosa, L. F.¹, Pérez, M. F.²

¹ Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Los ciclos glaciares-interglaciares del Pleistoceno afectaron fuertemente la distribución de los bosques templados del sur de Sudamérica. Durante las fases glaciares, algunas especies contrajeron su rango de distribución al Norte de línea de hielo, mientras que otras fueron capaces de sobrevivir en refugios locales dentro en las zonas afectadas. Evidencia genética sugiere que este sería el caso de *Nothofagus dombeyi*, que habría sobrevivido durante el Último Máximo Glacial (UMG) en múltiples refugios. Este estudio busca dilucidar si la historia de aislamiento de dos poblaciones de *Nothofagus dombeyi* provenientes de diferentes refugios durante el UMG tuvieron efectos sobre los rasgos relacionados con la tolerancia al frío. Para ello se estimó la temperatura a la que se produce el 50% de daño del tejido foliar (LT₅₀) y la concentración de solutos crioprotectores en 40 individuos provenientes de dos refugios glaciares. Se encontraron diferencias significativas en la tolerancia al frío de ambas poblaciones, siendo más tolerante la población proveniente del refugio glacial ubicado al interior de la lengua de hielo. Nuestros resultados sugieren que el aislamiento y las condiciones ambientales contrastantes podrían haber modelado una diferenciación ecológica de ambas poblaciones.

Agradecimientos: IEB, CASEB y FONDECYT 1090339.

GENÉTICA

177. CARIOTIPO Y TAMAÑO GENÓMICO DE *SERIOLELLA VIOLACEA* (GUICHENOT, 1848) (OSTEICHTHYES: CENTROLOPHIDAE) [Karyotype and genome size of *Seriolella violacea* (Guichenot, 1848) (Osteichthyes: Centrolophidae)].

Palma-Rojas, C.¹, von Brand E.², Araya C.³ y Silva A.²

¹ Departamento de Biología, Universidad de La Serena.

² Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte.

³ ICBM, Fac. de Medicina, Universidad de Chile.

En *Seriolella* se reconocen 11 especies de las cuales al menos tres se encuentran en las costas chilenas del Pacífico Sur. *Seriolella violacea* es una especie gregaria de comportamiento epipelágico, preferentemente costero y de crecimiento rápido. Se distribuye entre las regiones de Arica y la Araucanía. Por su importancia comercial están en desarrollo etapas experimentales para su introducción al cultivo. No existen antecedentes cromosómicos disponibles para ninguna de las 11 especies descritas y solo se conoce el tamaño genómico de *S.punctata* (C=0,78 pg). Para aportar nuevos antecedentes al conocimiento biológico básico de *Seriolella violacea* se determinó su cariotipo y tamaño genómico. Los cromosomas se obtuvieron de suspensiones celulares de tejido hematopoyético renal de individuos juveniles previamente colchicinados. El tamaño genómico se determinó por microdensitometría en núcleos de eritrocitos y utilizando como patrón eritrocitos de pollo. *Seriolella violacea* tiene un tamaño genómico de 0.82 pg (Valor C) y un cariotipo 2n=48 completamente telocéntrico, sin evidencias de pares heteromórficos ni constricciones secundarias. El valor C es similar al descrito para otras 4 especies dentro de la familia y el cariotipo constituye una primera contribución al conocimiento citogenético de la especie.

Financiamiento parcial DGIP/ UCN 2010-2011 de E. von Brand.

178. IDENTIFICACIÓN DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESADOS EN EL MÚSCULO DEL PEZ CEBRA (*DANIO RERIO*) EN RESPUESTA A UNA DIETA DE PROTEÍNA VEGETAL USANDO RNA-SEQUENCING (Identification of differentially expressed genes in muscle of zebrafish in response to a vegetal protein diet using RNA-sequencing).

Ulloa, P. E.^{a, b, c}, Rincón G.^c, Islas-Trejo A.^c, Araneda C.^b, Iturra P.^d, Neira R.^{b, e}, Medrano J. F.^c

^a Departamento de Ciencias Químicas, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile.

^b Departamento de Producción Animal, Universidad de Chile.

^c Department of Animal Science, University of California, Davis, USA.

^d Programa de Genética Humana, Universidad de Chile.

^e Aquainnovo S.A.

El pez cebra se ha propuesto como organismo modelo en estudios de nutrición y crecimiento, enfocado especialmente en genómica nutricional. En este estudio se examinaron genes diferencialmente expresados en el músculo de peces cebra de alto crecimiento y bajo crecimiento en respuesta a una dieta de proteína vegetal utilizando RNA-seq. Desde los extremos de la curva de crecimiento en peso se seleccionaron ocho peces de bajo crecimiento (promedio=52 mg) y ocho peces de alto crecimiento (promedio=228 mg). Se

secuenciaron cuatro bibliotecas en la plataforma GAI Illumina. Las secuencias fueron analizadas utilizando el software CLC Bio. De 16,904 (~ 60%) genes expresados en el tejido muscular, 70 genes fueron altamente expresado en los peces de alto crecimiento y 54 en los peces de bajo crecimiento. Estos genes representan candidatos para examinar diferencias funcionales y polimorfismos SNP que podrían estar asociados a crecimiento en respuesta a dietas con proteínas de origen vegetal.

Patrocinio: Patricia Iturra.

Beca Conicyt AT-24091052; Consorcio Aquainnovo S.A. INNOVA 206-504.

179. DETECTION OF REDUCTIONS IN *TRACHURUS MURPHYI* POPULATION SIZE BASED ON THE MICROSATELLITE LOCI (Detección de reducción en tamaño efectivo poblacional en *Trachurus murphyi* basado en loci microsatélites).

Canales-Aguirre, C. B.^{1,2}, Galleguillos R.¹, and S. Ferrada^{1,2}

¹ Laboratorio de Genética y Acuicultura, Depto. Oceanografía.

² Programa de Doctorado en Sistemática y Biodiversidad, Depto. Zoología. Universidad de Concepción. cristiancanales@udec.cl

Identifications of recent reductions in effective population size are uncommon for marine fish, especially those with large populations, migratory behavior, high fecundity, and pelagic eggs and larvae. In this study, we used samples of jack mackerel (*Trachurus murphyi*) to evaluate a recent reduction in effective population size at two sites separated by ~10,000 km (New Zealand and Talcahuano). Samples from the western South Pacific Ocean show excess heterozygosity (two-phase model: P = 0.038; stepwise mutation model: P = 0.021). The result of this study reveal a reduction in population size in New Zealand. This result could be interpreted due to a recent expansion of the geographic range of *T. murphyi* from the eastern South Pacific to the western South Pacific (around 25 years before present). Moreover this result could be understood as founder effect because it has the same impact as recently bottlenecked populations.

Agradecimientos: FIP 2007-27.

180. IDENTIFICACIÓN DE QTLs QUE AFECTAN LA EXPRESIÓN DEL RASGO DOBLE CICLO REPRODUCTIVO ANUAL (DCRA) EN TRUCHA ARCOÍRIS (QTLs identification affecting the expression of double annual reproductive cycle trait (DARC) in rainbow trout).

López M. E., Araneda C.

Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile.

La trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*) es una especie que usualmente presenta desoves una vez al año, no obstante, se han descubierto ejemplares que exhiben un Doble Ciclo Reproductivo Anual (DCRA) desovando dos veces en un mismo año. Conducta reproductiva de interés comercial, pues un stock DCRA permitiría aumentar la producción de ovas y contar con dicho producto en la temporada de primavera-verano, en que normalmente son escasas. Se analizó una familia comercial de trucha arcoíris (n=40) en la que segregaba el rasgo DCRA, con el objetivo de identificar QTL que afectan la expresión de este rasgo. Se utilizaron 43 microsatélites para construir mapas de ligamiento sexo específicos con el programa LINKMFEX y se realizó un análisis para identificar QTL con el programa J/qtl basado en R/qtl. Adicionalmente se realizó un análisis de asociación entre los microsatélites y la presencia de DCRA, utilizando una prueba de chi-cuadrado con bootstrap. Se identificaron dos regiones cromosómicas con evidencia sugestiva de QTL para DCRA en los GL *Omy3* (LOD Score = 1,903) y *Omy20* (LOD Score = 1,424) en la hembra. El análisis de asociación mostró evidencia de QTLs para DCRA en ambas regiones anteriormente mencionadas y además una tercera región en el GL *Omy6*.

Proyecto Fondecyt 1060623.

181. VALIDACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES ASOCIADOS A RASGOS DE IMPORTANCIA PRODUCTIVA EN SALMÓNIDOS CULTIVADOS EN EL SUR DE CHILE (Validation of molecular markers associated with economically important traits in salmonids cultured in southern Chile).

Vargas C. I.¹, López M. E.¹, Lhorente J. P.², Filp M.², Araneda C.¹

¹ Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas Universidad de Chile.

² Aquainnovo S.A.

En mejoramiento genético la utilización de marcadores moleculares para la implementación de selección asistida por marcadores (MAS) está ampliamente descrita para la industria agrícola. La asociación entre características de interés productivo y marcadores se presenta como una herramienta interesante y necesaria la implementación de selección asistida por marcadores (MAS) en programas de cría aplicados a salmónidos en Chile. Mediante el estadístico L_D se evaluó la asociación de 7 loci microsatélites ligados con QTLs para peso a la cosecha y fecha de desove en familias contrastantes de *Salmo salar* (n=204) y *Oncorhynchus mykiss* (n=151), respectivamente. Adicionalmente, se evaluó la asociación del SCAR *Oki206* con color del filete en *O. kisutch* (n=189). Los resultados muestran que para peso a la cosecha, existen loci que presentan asociación con este rasgo. Similar resultado se observa con *Oki206* y color del filete (P -value < 0,0001). Sin embargo, para fecha de desove no se encontraron loci asociados en la población analizada. En el presente estudio se profundizan los resultados indicados y demuestran que la aproximación de

análisis de asociación de marcadores descritos es una herramienta útil y económica para validar marcadores genéticos ligados a características de importancia económica, y que permitan la rápida implementación de MAS en programas de mejora genética en Chile.

Proyecto INNOVA-CORFO 206-5047.

182. ESTANDARIZACIÓN DE BIOMARCADORES MOLECULARES DE ESTRÉS OXIDATIVO EN SALMO SALAR POR RT-PCR MULTIPLEX (Standardization of molecular biomarkers of oxidative stress in *Salmo salar* by multiplex RT-PCR).

Cisterna, D.² Acevedo, P.¹ Martínez A.² Yáñez J. M.² Cabrejos M. E.^{1,2}

¹ Universidad de Chile

² AQUAINNOVO S.A.

Se denomina estrés oxidativo al potencial que tienen las especies reactivas del oxígeno (ROS) y radicales libres de dañar tejidos y componentes celulares. El desequilibrio entre la generación y la neutralización de ROS en los sistemas biológicos se utilizaría para evaluar los efectos tóxicos en condiciones adversas del medio como el estrés químico, físico o biológico (incluyendo infecciones por patógenos). Existen mecanismos antioxidantes de defensa frente al aumento de niveles de estrés oxidativo, como el incremento de la síntesis de enzimas antioxidantes. La necesidad de contar con evaluaciones de la condición biológica de salmónidos durante el ciclo productivo, que permitan desarrollar la medicina preventiva en la acuicultura, nos lleva a incursionar en esta vía metabólica como herramienta diagnóstica. El objetivo de este trabajo es evaluar diferencias en la regulación transcripcional de genes específicos de esta vía metabólica en *S.salar* y utilizarlos como biomarcadores moleculares, a partir de muestras de tejidos. Evaluamos las condiciones de preservación de las muestras, y se diseñaron partidores y sondas específicas. Fueron optimizadas las condiciones de amplificación en formato dúplex y se confirmó la especificidad mediante secuenciación de los productos. Los ensayos se aplicaron a grupos de peces desafiados con virus ISA, identificando aquellas moléculas que se comportan como posibles biomarcadores.

Financiamiento CORFO 2009-6682/09 MCSS6682.

183. IDENTIFICACIÓN DE GENES ASOCIADOS A LA RESPUESTA IMMUNE DE SALMÓN DEL ATLÁNTICO (SALMO SALAR) A LA INFECCIÓN POR VIRUS IPN UTILIZANDO ANÁLISIS DE EXPRESSED SEQUENCE TAG (EST) (identification of genes involved in immune response of atlantic salmon (*salmo salar*) to IPN virus infection, using expressed sequence tag (EST) analysis).

Vidal, R., Cepeda, V., González, R., Cofré, C.

Laboratory of Molecular Ecology, Genomics and Evolutionary Studies, Department of Biology, Faculty of Chemistry and Biology, Universidad de Santiago de Chile, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins 3363 Estación Central, Santiago, Chile.

Atlantic salmon is one of the most important aquaculture fish species in the world. A cDNA library was constructed from splenic leukocytes of Atlantic salmon challenged with infectious pancreatic necrosis virus, and sequenced to collect genomic information and identify genes involved in immune defense response. Sequencing of 1360 clones yielded 1043 high quality ESTs (expressed sequence tags) and these ESTs were assembled into unigenes. BLAST analysis revealed that 203 unigenes were novel genes that had no significant matches to any protein sequences in the public databases. The remaining unigenes were closely matched to the known genes or sequences deposited in public databases and 34 unigenes matched to 29 unknown genes. Among them, GO and KEGG analyses identified several functional categories involved in the innate immune response, with immune response and cytokine activity being predominant. These results provided a useful resource for gene discovery for further research of this species.

CORFO-INNOVA Chile 07CN13PBT-90 - 09MCSS-6694.

184. ANALISIS DE EXPRESSION GÉNICA DE FAMILIAS DE SALMONES RESISTENTES Y SUSCEPTIBLE A IPN Y ISA: EL EFECTO DE IMMUNE FENOTIPOS (gene expression analysis of IPN and ISA resistant and susceptible salmon families: the effect of immune phenotypes).

Vidal, R., Verdugo, P., Cepeda, V., González, R., Cofré, C.

Laboratory of Molecular Ecology, Genomics and Evolutionary Studies, Department of Biology, Faculty of Chemistry and Biology, Universidad de Santiago de Chile, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins 3363 Estación Central, Santiago, Chile.

Selective breeding has been employed to improve resistance to infectious diseases in aquaculture and it is of importance to investigate the expression profiles of immune genes together with complement activity of Atlantic salmon with different genetic background in response to pathogens, in particular against ISA and IPN virus. This study examined several central candidate genes of two families of Atlantic salmon with high and low mortalities, after challenge by ISA and IPN virus. The results showed that the expression patterns of target genes in the two families are different. One may speculate that a relatively high immune response is a prerequisite for increased survival in a ISA and IPN virus challenge test. In addition the results of this study may be applied as an indicator in selective breeding for enhanced disease resistance.

CORFO-INNOVA 09MCSS-6694.

185. VARIABILIDAD DE POLIMORFISMOS DE UN SOLO NUCLEOTIDO (SNPS) EN GENES LIGADOS AL SISTEMA INMUNE EN SALMO SALAR (Variability of Single nucleotide Polymorphisms (SNPs) in immunogenic associated genes of *Salmo salar*).

Fernández, G., Jedlicki, A., Martínez, V.

FAVET-INBIOGEN, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

Polimorfismos en genes ligados al sistema inmune en salmónidos permiten medir la variabilidad y la adaptación debido a procesos relacionados con la interacción patógeno-huesped. A pesar de esto, existen pocos estudios enfocados a estudiar estas mutaciones en el genoma del salmón del Atlántico. Es por ello que este trabajo se enfoca en el descubrimiento, identificación y validación de SNPs en genes ligados al sistema inmune en distintas poblaciones naturalizadas y comerciales de *Salmo salar*. El primer paso de este trabajo fue la utilización de bibliotecas de expresión y de herramientas bioinformáticas (Phred, Phrap, Consed y otros) para el descubrimiento de polimorfismos del tipo SNP en estos genes. La validación de estos polimorfismos putativos con frecuencias mayores a 7%, se realizó mediante "High Resolution Melting" (HRM), genotipado a gran escala y secuenciamiento Sanger. La tasa de validación de los SNP putativos obtenidos *in silico* fue altamente eficiente (67%). Los polimorfismos validados en MB-2 y FISRS se encuentran en equilibrio H-W. Estos polimorfismos serán utilizados en estudios de asociación y para la determinación de huellas de selección en el genoma del Salmón del Atlántico, generando información relevante sobre los cambios genómicos de estas poblaciones en condiciones productivas.

FONDECYT 1090632.

186. RESISTENCIA GENÉTICA A *PISCIRICKETTSIA SALMONIS* Y *CALIGUS ROGERCRESSEYI* EN SALMÓN DEL ATLÁNTICO (*SALMO SALAR* L.): RESULTADOS DE DESAFÍOS ESPECÍFICOS REALIZADOS EN EL SUR DE CHILE (Genetic resistance to *Piscirickettsia salmonis* and *Caligus rogercresseyi* in atlantic salmon (*Salmo salar* L.): results of specific challenges performed in southern Chile).

Lhorente, J. P.^{1,4}, Gallardo J. A.², Neira R.^{3,4}

¹ Programa de Doctorado en Acuicultura (UCH-PUCV-UCN).

² Escuela de Ciencias del Mar, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

³ Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas Universidad de Chile.

⁴ Aquainnovo S.A.

El Síndrome Rickettsial del salmón (SRS) y la Caligidosis causadas por *Piscirickettsia salmonis* y *Caligus rogercresseyi*, respectivamente, son las enfermedades que más pérdidas productivas generan en la industria salmonera chilena. La selección genética por resistencia a enfermedades es una estrategia preventiva que permite disminuir los efectos perjudiciales de los patógenos. Su implementación se sustenta en la evaluación de resistencia específica a patógenos evaluados en condiciones controladas, en base a grupos genealogizados de peces. Con el propósito de conocer los parámetros genéticos de resistencia específica a *P. salmonis* (mortalidad: vivo/muerto) y *C. rogercresseyi* (N° de parásitos por pez) en salmón del Atlántico, dos desafíos específicos fueron realizados bajo condiciones controladas, con peces smolts (130-280g) genealogizados del programa genético de Antares S.A. Las magnitudes de heredabilidad obtenidas para mortalidad por *P. salmonis* fue de 0,24±0,07 y para *C. rogercresseyi* (parásitos sésiles/pez) fue de 0,34±0,07. Las correlaciones genéticas evaluadas entre resistencia a ambos patógenos resultó ser positiva (rG:0,18-0,57) aunque no fueron significativamente distintas de cero (p>0,05). Los resultados indican que existe suficiente varianza genética aditiva para obtener respuesta a la selección en ambos rasgos de resistencia y que generarían respuestas correlacionadas positivas, lo cual facilita la inclusión de ambas resistencias como objetivo de mejoramiento en un programa de cría en salmón del Atlántico.

Proyectos INNOVA-CORFO 206-5047; INNOVA-CORFO 07CN13PBT-61.

187. EFECTO DEL PARASITISMO DE *CALIGUS ROGERCRESSEYI* SOBRE LA RESISTENCIA ESPECÍFICA A *PISCIRICKETTSIA SALMONIS* EN SALMÓN DEL ATLÁNTICO (*SALMO SALAR* L.): CONSECUENCIAS EN EL PROCESO DE SELECCIÓN (Effect of parasitic infections of *Caligus rogercresseyi* on *Piscirickettsia salmonis* specific resistance in atlantic salmon (*Salmo salar* L.): consequences in selective process).

Lhorente, J. P.^{1,4}, Gallardo J. A.², Neira R.^{3,4}

¹ Programa de Doctorado en Acuicultura (UCH-PUCV-UCN).

² Escuela de Ciencias del Mar, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

³ Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile.

⁴ Aquainnovo S.A.

La evaluación genética de resistencia a patógenos en salmónidos se realiza con desafíos específicos a patógenos en condiciones controladas. No obstante, bajo condiciones productivas los

salmones se pueden enfrentar a procesos de coinfección de al menos 2 patógenos en forma simultánea. Ello puede producir cambios en el ordenamiento del ranking de resistencia específica a nivel de familias (interacción genético-ambiente), y generar una pérdida de eficiencia del proceso de selección. Con el objeto de evaluar cómo la presencia y parasitismo por *C. rogercresseyi* genera una interacción genético-ambiente en la resistencia a *Piscirickettsia salmonis* (SRS), un total de 1495 smolt de salmón del Atlántico, pertenecientes a 15 familias (33 peces/familia) fueron expuestos en igual número a tres condiciones de infección: a) SRS: infectados por cohabitación con *P. salmonis*; b) SRS/44CA: infectados por cohabitación con *P. salmonis* + infestados con cáligos [44 copépodos/pez expuesto], y c) SRS/88CA: infectados por cohabitación con *P. salmonis* + infestados con cáligos [88 copépodos/pez expuesto]. Al final del ensayo la mortalidad acumulada fue de un 100% en SRS/CA44 y SRS/CA88, pero solo de un 42% en SRS. Se presentan resultados de interacción genético-ambiente para los rasgos de mortalidad y tiempo a la muerte para resistencia a *P. salmonis* en peces smolt de salmón del Atlántico.

Proyectos INNOVA-CORFO 206-5047; INNOVA-CORFO 07CN13PBT-61.

188. EFECTOS DEL REEMPLAZO DE DIFERENTES VEGETALES COMO SUBSTITUTOS DE FUENTES ANIMALES EN DIETAS DE TRUCHAS ARCOIRIS JUVENILES (Effects of varying levels of different plant meals as substitutes of fish meal in extruded diets for juvenile rainbow trout, *oncorhynchus mykiss*).

¹Vidal, R., ²Hernández, A., ²Dantagnan, P., ²Bórquez, A.

¹ Laboratory of Molecular Ecology, Genomics and Evolutionary Studies, Department of Biology, Faculty of Chemistry and Biology, Universidad de Santiago de Chile, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins 3363 Estación Central, Santiago, Chile.

² Escuela de Acuicultura, Facultad de Recursos Naturales. Universidad Católica de Temuco, Temuco, Chile.

The use of suitable alternative protein sources, such as plant proteins, is crucial for sustainable growth of the aquaculture sector. Plant protein sources are among the best candidates to replace fishmeal in aquafeeds for carnivorous species. However, use of some unprocessed plant protein ingredients in diets for salmonids might compromise fish growth, suppress immune response and reduce survivability. Varying levels of Lupine (*Lupinus albus*), Peas (*Pisum sativum*) and Raps (*Brassica napus*) meals were evaluated as partial replacement for fishmeal in extruded diets for rainbow trout, with particular emphasis on the effect on growth performance and the expression of 3 genes associated with immune response. The results of the study showed that growth, feed performance and immunological response were significantly affected by the type of plant protein as well as level of inclusion.

CORFO-INNOVA Chile 07CN13PBT-90 - 09MCSS-6694.

189. DESCUBRIMIENTO DE SNPS EN GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESADOS EN RESPUESTA REEMPLAZO DE LÍPIDOS Y DE PROTEÍNA EN DIETAS PARA TRUCHA ARCOIRIS (SNP discovery in differentially expressed genes in response to replacement of protein and lipid in diets for rainbow trout).

Araneda, C.¹, Zapata L.², Lam N.³, Di Genova A.², Pulgar R.⁴, Vidal V.⁵, Cambiazo V.⁴, Iturra P.³

¹ Depto. de Producción Animal, Facultad de Cs. Agronómicas.

² Centro de Modelamiento Matemático, Facultad de Ingeniería.

³ Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina; y

⁴ Laboratorio de Bioinformática y Expresión Génica, INTA, Universidad de Chile.

⁵ Biomar Chile S.A.

A partir de 246 genes diferencialmente expresados en respuesta al reemplazo de lípidos y proteína animal por vegetal en la dieta, se seleccionaron 176 ESTs para descubrimiento de SNPs. El diseño de partidores se realizó analizando secuencias públicas depositadas en la base de datos SalmonDB (<http://genomicasalmones.dim.uchile.cl>). Previo a los análisis *in vitro* se identificaron SNPs putativos por análisis *in silico* en el 15% de los ESTs seleccionados. Amplicones de 8 individuos por EST fueron resecuenciados, las secuencias obtenidas fueron filtradas con Phred, alineadas y ensambladas para identificar SNPs. Se detectaron 40 SNPs en 29 ESTs. La tasa de descubrimiento de SNPs fue de 53% en los ESTs con SNPs predichos *in silico* y de un 28% en ESTs sin predicción. El panel de SNPs validado será utilizado para estudiar la respuesta a reemplazo de nutrientes en salmónidos por medio de análisis de asociación. Una fracción de los SNPs identificados fueron genotipificados con SNaPshot en familias de referencia.

Proyecto INNOVACHile-07CN13PBT-41.

190. IDENTIFICACIÓN Y ASIGNACIÓN CROMOSÓMICA DE GENES ASOCIADOS AL USO DE PROTEÍNAS Y ACEITES VEGETALES EN LA NUTRICIÓN DE TRUCHA ARCOIRIS (Identification and chromosome assignment of genes associated with use of proteins and vegetable oils in rainbow trout nutrition).

Lam, N.¹, Zapata, L.^{1,3}, Araneda, C.², Aravena, A.³, Di Genova, A.³, Maass, A.³, Cambiazo, V.⁴, Pulgar, R.⁴, González, M.⁴, Salinas, V.¹, Vidal, V.⁵ & Iturra, P.¹

¹ ICBM, Facultad de Medicina.

² Facultad de Ciencias Agronómicas.

³ LBMG, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas.

⁴ INTA, Universidad de Chile.

⁵ BiomarChile S.A.

Para la identificación de genes asociados al uso de proteínas y aceites vegetales en la dieta de trucha arcoíris se utilizaron familias de peces, cuyos ejemplares se distribuyeron en tres grupos, que fueron alimentados durante ocho semanas con: 50% de sustitución de proteína vegetal (D1), 50% de sustitución de aceite vegetal y Dieta Control. Se estimaron variables de crecimiento (peso, ΔPeso, tasa específica de crecimiento (SGR)). RNA obtenido de tejido hepático fue analizado utilizando el microarreglo 32K cGRASP. Diferencias significativas ($P > 0,05$) se observaron para ΔPeso y SGR a favor de las truchas alimentadas con D1.

Se identificaron 453 genes expresados diferencialmente entre las dietas experimentales y Control. Estos participan en: síntesis y degradación de proteínas, respuesta inmune, respuesta al estrés,

metabolismo y transporte lipídico, transporte mitocondrial, procesamiento proteico y estrés oxidativo.

Seis de estos genes fueron seleccionados para ser asignados mediante FISH a los cromosomas de trucha arcoíris. Hemos observado que: a) varios de estos genes están duplicados y b) se encuentran en cromosomas donde se han identificado QTLs para crecimiento en esta especie.

INNOVACHile-07CN13PBT-41.

191. DETERMINACIÓN DEL GRADO DE DESEQUILIBRIO DE LIGAMIENTO EN EL CROMOSOMA ASOCIADO CON RESISTENCIA A NECROSIS PANCREÁTICA INFECCIOSA EN EL SALMÓN DEL ATLÁNTICO (SALMO SALAR) (Determination of linkage disequilibrium on the chromosome associated with infectious pancreatic necrosis resistance in Atlantic salmon (*Salmo salar*)).

Dettleff, P., Martínez, V.

FAVET-INBIOGEN, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Avda. Santa Rosa 11735, Santiago, Chile.

La Necrosis Pancreática Infecciosa (IPN) es una enfermedad viral altamente contagiosa que afecta a los salmónidos, causando grandes mortalidades. Se ha observado que la resistencia a esta enfermedad se debe a un QTL en el cromosoma 21, explicando un 80% de la variabilidad genética. Este trabajo tiene por objetivo principal identificar huellas de selección asociadas con la resistencia a IPN en 3 poblaciones comerciales y una naturalizada de Salmón del Atlántico. Se genotiparon 11 marcadores SSR en el cromosoma 21 y se estimaron los niveles de desequilibrio de ligamiento LD y medidas de diferenciación poblacional, las que fueron utilizadas para determinar el impacto de la selección natural a nivel genómico. Los resultados indican patrones complejos de selección, dentro y entre poblaciones. Se observó diferencias significativas de LD en la región más probable de los genes asociados a resistencia. Los patrones de diferenciación indican procesos de selección balanceada. Estos resultados señalan que existen procesos selectivos que permiten mantener los niveles de variabilidad a nivel genómico, siendo estos marcadores, candidatos para la implementación de programas de selección asistida por marcadores que aumentan la resistencia a esta enfermedad.

Financiamiento: FONDECYT 1090632.

192. DISCRIMINACIÓN DE LAS VARIANTES GENÉTICAS SP Y WB DEL VIRUS DE LA NECROSIS PANCREÁTICA INFECCIOSA (IPNV) MEDIANTE ENSAYOS DE RT-PCR TIEMPO REAL (Allelic discrimination of Sp and WB genetic variants of infectious pancreatic necrosis virus (IPNV) by real time RT-PCR assays).

Martínez, A.¹ Barría, A.¹ González, R.¹ Manríquez, W.¹ Sánchez, E.¹ Cabrejos, M.E.^{1,2}

¹ Aquainnovo S.A.

² Universidad de Chile.

El virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV) se posiciona al interior del género *Aquavirnavirus* de la familia *Birnaviridae*. IPNV es el agente etiológico de una enfermedad de distribución mundial que provoca severas pérdidas económicas en el cultivo de salmónidos, principalmente en individuos juveniles.

A nivel genómico, IPNV está constituido por dos moléculas de RNA de doble hebra. Los *Aquabirnavirus* se pueden clasificar en dos serogrupos: A y B. El serogrupo A posee 9 serotipos: A1 (West Buxton), A2 (Sp), A3 (Ab), A4 (He), A5 (Te), A6 (Canada 1), A7 (Canada 2), A8 (Canada 3) y A9 (Jasper). Por otra parte, el serogrupo B está constituido por un único serotipo, cuya cepa de referencia es TV-1.

El objetivo de este trabajo es validar una metodología de discriminación alélica de los serotipos predominantes en Chile (Sp y WB) mediante ensayos de RT-PCR tiempo real. Muestras de IPNV provenientes de cuadros clínicos de *S. salar* y *O. mykiss*, fueron analizadas para identificar el serotipo. Adicionalmente, los virus fueron caracterizados genéticamente mediante secuenciación para contrastar los resultados obtenidos con esta nueva aproximación diagnóstica, mostrando 100% de correlación.

Financiamiento FONDEF D09I1030.

193. IDENTIFICACIÓN GENÉTICA DE HÍBRIDOS ENTRE LA ESPECIE ENDÉMICA MYTILUS CHILENSIS Y LA ESPECIE INTRODUCIDA MYTILUS GALLOPROVINCIALIS EN LA COSTA CHILENA (genetic identification of hybrid between *Mytilus chilensis* (endemic species) and *Mytilus galloprovincialis* (introduced species) in the Chilean coast).

Valenzuela, A.; Astorga, M.; Oyarzún, P. y Toro J.
Universidad Austral de Chile.

La especie endémica *Mytilus chilensis* se distribuye en Chile desde Arauco hasta Punta Arenas. Actualmente, se ha detectado en Chile la presencia de la especie invasora *Mytilus galloprovincialis*, que ha sido considerada altamente invasora, desplazando a otros mitílidos autóctonos donde ha sido introducida. Además, existe evidencia que esta especie es capaz de hibridar con otros mitílidos cuando se encuentran en simpatria.

Considerando esta posibilidad se planteó: i) Establecer una identificación genética de los híbridos para monitorear su posible presencia en el medio natural y ii) Determinar el nivel de variabilidad genética de estos, basado en el modelo de vigor híbrido. Para lo cual se generaron híbridos en laboratorio, a partir de los cuales se secuenció el gen COI junto a sus parentales.

Se obtuvo una secuencia de 644 bp, identificando 4 haplotipos, con una diversidad nucleotídica de 0,007 y haplotípica de 1 para la especie endémica y con 4 haplotipos, una diversidad nucleotídica de 0,01 y haplotípica de 0,9 para la especie introducida. Los indicadores de distancia genética presentan valores similares

dentro de los grupos y mayores entre los grupos. Se corrobora la presencia de dos grupos diferenciados.

Financiamiento: FONDECYT 1095061; Innova-CORFO 07CN13PPD240.

194. VARIABILIDAD Y DIFERENCIACIÓN GENÉTICA EN POBLACIONES DE MYTILUS DEL SUR DE CHILE Y POSIBLE APLICACIÓN EN TRAZABILIDAD (Genetic variability and differentiation of *Mytilus* in southern Chile populations and possibly applications in traceability).

Larraín M. A.¹, Díaz N. F.², Lamas C.², Vargas C.², Araneda C.²

¹ Departamento de Ciencia de los Alimentos y Tecnología Química, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas.

² Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile.

Los mitílidos son una de las especies de bivalvos más cultivadas y comercializadas. Las cosechas de chorito (*Mytilus chilensis*) aumentan sostenidamente siendo una de las actividades más promisorias de la acuicultura chilena a mediano y largo plazo. Esta producción está mayoritariamente destinada a mercados internacionales donde los sistemas de gestión de la inocuidad de los alimentos y la regulación exigen trazabilidad a través de toda la cadena alimentaria. Se estudiaron 11 poblaciones de choritos (n=50) del sur de Chile (entre Chiloé y Magallanes), utilizando 4 loci microsatélite (*Mgu1*, *Mgu3*, *MT203* y *Mg56*). Los resultados mostraron variabilidad genética moderada a través de las poblaciones analizadas (N° promedio alelos por locus [A] entre 8,0–10,0; Heterocigocidad observada [H_o] entre 0,349–0,549 y esperada [H_e] entre 0,725–0,785). En todos los loci se observó desviación significativa del equilibrio de HW. La diferenciación genética promedio (F_{st}) entre pares de poblaciones fue baja (0,065), con un máximo de 0,1959. Las poblaciones estudiadas parecen estar altamente mezcladas ya que una alta proporción de individuos de cada población fueron asignados a otro cluster.

Proyecto Domeyko Alimentos, VID, Universidad de Chile.

195. ESTABILIDAD TEMPORAL EN LA DIFERENCIACIÓN GENÉTICA EN CONCHOLEPAS CONCHOLEPAS (Temporal stability of genetic differentiation in *Concholepas concholepas*).

Gómez, D., Sánchez, R., Cárdenas, L.

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

La comprensión de la dispersión de invertebrados marinos permanece como un desafío para la ecología, conservación y evolución. Tradicionalmente se establece que poblaciones marinas son entidades abiertas donde el reclutamiento proviene de aportes externos a la población local. Sin embargo, la evidencia acumulada sugiere que las dinámicas poblacionales de invertebrados marinos pueden variar espacial y temporalmente. La hipótesis de varianza reproductiva propone que solo una pequeña porción del pool genético de la población se constituirá en la base de la siguiente generación. Así, se predice que individuos de una misma cohorte en una población local presentaran menor varianza en la diversidad genética que aquellos de diferentes cohortes. El loco es una especie caracterizada por una fase larval que permanece al menos tres meses en la columna de agua. Aquí, utilizando 15 loci de microsatélites se evalúa la hipótesis de varianza reproductiva para poblaciones de loco desde distintas áreas geográficas de Chile. Para esto, locos de distintas cohortes (2006 vs 2010) son comparadas para determinar si existe variación en la estructura y diversidad genética de sus poblaciones. Los resultados muestran (1) alta diversidad genética en ambos años para todas las localidades estudiadas, (2) ausencia de diferenciación genética entre poblaciones del año 2006 y (3) Diferenciación genética significativa el año 2010. El análisis de los patrones espacio-temporales de diversidad genética revelan claros signos acerca de la variabilidad en la dispersión larval en el loco.

Fondecyt 11080068

196. CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE FERRITINA E IDENTIFICACIÓN DE SNPS EN CONCHOLEPAS CONCHOLEPAS (GASTROPODA: MURICIDAE) (Molecular characterization of ferritin and identification of SNPs in *C. concholepas* (Gastropoda: Muricidae)).

Chávez, J., Astuya, A., Gallardo-Escárate, C*.

Laboratorio de Biotecnología y Genómica Acuícola, Departamento de Oceanografía, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

* crisgallardo@udec.cl

Ferritina es una proteína que constituye la principal forma de almacenamiento de hierro a nivel celular. Su capacidad de capturar el exceso de hierro en una forma compacta y segura permite a ferritina participar en procesos de detoxificación molecular. Adicional al rol de homeostasis, ferritina participa en el sistema inmune innato a través del control de estrés oxidativo mediante reacción de Fenton. El presente trabajo caracteriza a nivel molecular el gen de ferritina en *C. Concholepas*, así como patrones de expresión y SNPs. A partir de datos EST generados por pirosecuenciación, se obtuvo una secuencia codificante de 513 pb con 74.3% de identidad aminoacídica en relación a *Haliotis rufescens*. Adicionalmente se obtuvieron los extremos 5' y 3' UTR con elementos reguladores característicos. Polimorfismos de único nucleótido fueron identificados y validados mediante

HRM en posición 64 del ORF. El presente trabajo aporta con nueva información genómica para *C. Concholepas*.

FONDEF D09I1065.

197. CARACTERIZACIÓN DE MARCADORES EST-SSR Y GENES CANDIDATOS EN MESODESMA DONACIUM A PARTIR DE PIROSECUENCIACIÓN 454 (Characterization of EST-SSR marker and candidate genes in *Mesodesma donacium* from 454 pyrosequencing).

Aguilar-Espinoza, A.^a, Valenzuela-Muñoz, V.^a, Haye, P.^b & Gallardo-Escaráte, C.^a

^a Laboratorio de Biotecnología y Genómica Acuícola, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

^b Laboratorio de Diversidad Molecular, Departamento de Biología Marina, Universidad Católica del Norte, Coquimbo, Chile.

Las nuevas tecnologías de secuenciación permiten caracterizar transcriptomas e identificar nuevos marcadores moleculares potencialmente asociados a características de interés en organismos marinos. *Mesodesma donacium* es un bivalvo endémico y comercialmente explotado en las costas de Chile. Sin embargo, es escasa la información genómica disponible que permita evaluar estrategias de repoblamiento de bancos naturales e iniciativas en acuicultura. El presente trabajo describe secuencias microsatélites (SSR) y genes candidatos identificados en una librería EST desarrollada a partir de pirosecuenciación 454. Un total de 180.085 lecturas fueron ensambladas *de novo* en 9.784 contigs y 24.170 singletons. La búsqueda de EST-SSR generó un total de 3.099 y 4.514 loci en contig y singletons respectivamente. Un panel de EST-SSR y genes candidatos fueron seleccionados y validados por qPCR. Adicionalmente, dichos marcadores fueron probados en distintas localidades de Chile con la finalidad de inferir diferencias genéticas a nivel poblacional. De esta forma este trabajo entrega información genómica relevante para posteriores estudios en *M. donacium*.

Financiamiento: INNOVA 07CT9 PDT-79.

198. VALIDACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES ASOCIADOS A SEXO EN *HALIOTIS RUFESCENS* OBTENIDOS POR PIROSECUENCIACIÓN 454 (Validation of molecular markers associated to sex in *Haliotis rufescens* by 454 pyrosequencing).

Valenzuela-Muñoz, V., Alonso-Chivite, A., Gallardo-Escárate, C*. Laboratorio de Biotecnología y Genómica Acuícola Centro de Biotecnología, Dpto. de Oceanografía. Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
* crisgallardo@udec.cl

Los avances en tecnologías de secuenciación han generado nuevas posibilidades para el estudio del transcriptoma, caracterización de genotipos, identificación de marcadores moleculares, además de facilitar el estudio de procesos biológicos en organismos no modelo, como la diferenciación de sexo en invertebrados marinos. El objetivo de este trabajo fue identificar transcritos asociados a sexo en *Haliotis rufescens* mediante secuenciación masiva y validación de nuevos marcadores de sexo. Para ello se realizó extracción de ARN desde tejido reproductivo de abalón rojo maduro, posteriormente se realizó la síntesis de ADNc y pirosecuenciación en la plataforma GS FLX (454 Roche). Se obtuvieron un total de 11.374 y 42.529 secuencias EST para hembras y machos respectivamente, las que fueron anotadas de acuerdo a Gene Ontology. Adicionalmente mediante una sustracción *in silico*, se identificaron transcritos asociados al sexo, a partir de estos se seleccionaron 30 transcritos no anotados, para su validación. Igualmente se realizó una búsqueda de polimorfismos de tipo SNP en genes sexo-específicos previamente reportados para abalón. La validación tanto de genes putativos como de marcadores SNPs de clase 1 y 2 fue realizada por qPCR y HRM respectivamente. Este estudio aporta con nueva información relevante para la comprensión de la biología reproductiva del abalón.

Financiamiento: FONDEF D07I1085.

199. IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE HÍBRIDOS DE ABALÓN UTILIZANDO EL GEN VERL: ANÁLISIS DE RFLP Y FISH (Molecular identification of abalone hybrids using VERL gene: RFLP and FISH analysis).

Alonso-Chivite, A., Amar-Basulto, G., Valenzuela-Muñoz, V., Núñez-Acuña, G., Aguilar-Espinoza, A., Gallardo-Escárate, C. Laboratorio de Biotecnología y Genómica Acuícola, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

Una estrategia de mejoramiento genético para el cultivo de abalón en Chile es la producción de híbridos interespecíficos entre *Haliotis rufescens* (R) y *Haliotis discus hannai* (J). El objetivo de este trabajo fue verificar el estatus genético de abalones híbridos, mediante la búsqueda de polimorfismos nucleotídicos y localización cromosómica del gen VERL (vitelline envelope receptor for sperm lysin). Este gen fue utilizado debido a su función de reconocimiento gamético durante el proceso de fecundación en abalones. De esta forma, el gen fue amplificado y secuenciado con la finalidad de utilizar posibles sitios polimórficos mediante análisis de RFLP. Adicionalmente, una sonda de ADN fue sintetizada para mapear a nivel cromosómico el gen VERL mediante FISH. El análisis RFLP con *HindIII*, mostró fragmentos de 980pb en individuos RR, de 456pb y 524pb en individuos JJ. Los ejemplares híbridos mostraron alelos compartidos de 980pb, 456pb y 524pb. El análisis FISH localizó el gen en 6 cromosomas para individuos RR, en 4 para individuos JJ, y en 5 para individuos RJ,

identificando el par 2 como híbrido con un cromosoma procedente de cada especie parental. Este estudio contribuye con nuevas herramientas moleculares para identificación de híbridos en abalón.

Financiamiento: FONDEF DO6I1027.

200. CARACTERIZACIÓN DE GENOMA MITOCONDRIAL EN *MESODESMA DONACIUM* (BIVALVIA), DESDE DATOS OBTENIDOS POR SECUENCIACIÓN MASIVA (Characterization of mitochondrial genome in *Mesodesma donacium* (Bivalvia) from high-throughput sequencing data).

Guzmán-Riffo, B., Valenzuela-Muñoz, V. & Gallardo-Escárate, C. Laboratorio de Genética y Biotecnología Acuícola, Centro de Biotecnología, departamento de Oceanografía, Casilla 160-C, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

En la última década, los avances en tecnologías de secuenciación han permitido aumentar la caracterización de genomas en especies no modelos. Contar con genomas completos de mtDNA, permite el estudio en áreas como la genómica, ecología, evolución y biotecnología. Así, actualmente existen en NCBI 650 genomas mitocondriales reportados. Sin embargo, existen grupos taxonómicos en que esta información sigue siendo escasa o nula. En moluscos bivalvos, uno de los grupos más antiguos y evolutivamente exitosos, existen solo 43 genomas descritos de los cuales 9 pertenecen al orden Veneroida. En este estudio reportamos el genoma mitocondrial completo de *Mesodesma donacium*, especie de importancia científica y comercial en Chile, como resultado del análisis de datos obtenidos desde pirosecuenciación. El ensamble *de novo* de las lecturas se realizó en CLC Genomics Workbench. Para la identificación de genes, elección y ensamblaje de contigs, se utilizó el software Geneious Pro. Obtuvimos una molécula circular covalentemente cerrada con 37 genes, de los cuales 13 codifican para proteínas de la cadena respiratoria, dos rRNAs, 22 tRNAs y una región no codificante. Se observa un reordenamiento genético, en el que se presentan igual número de genes a lo encontrado en otros bivalvos, incluyendo ATP8.

Financiamiento: FONDEF D09I1065.

201. IDENTIFICACIÓN Y VALIDACIÓN DE MARCADORES SNPS EN *CONCHOLEPAS CONCHOLEPAS* (Identification and validation of SNP markers in *Concholepas concholepas*).

Núñez-Acuña, G.^a, Aguilar-Espinoza, A.^a, Haye, P. A.^b, Cárdenas, L.^c, Gallardo-Escárate, C.^a

^a Laboratorio de Biotecnología y Genómica Acuícola, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

^b Laboratorio de Diversidad Molecular, Departamento de Biología Marina, Universidad Católica del Norte, Coquimbo, Chile.

^c Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Debido a su alta resolución en la determinación de estructuración genética y a la posibilidad de asociación con el fenotipo, los marcadores de tipo SNP (Single nucleotide polymorphism) han sido de gran utilidad en estudios de ecología molecular y biotecnología. El objetivo de este trabajo fue identificar y validar marcadores SNPs en el gastrópodo *Concholepas concholepas*. La identificación de SNPs fue realizada desde una librería de cDNA de músculo y branquia mediante pirosecuenciación 454. Los ESTs obtenidos fueron ensamblados *De Novo* utilizando el software CLC Genomics Workbench. La búsqueda de SNPs fue realizada con un criterio de cobertura y frecuencia mínima de 15 reads y 35% respectivamente. Finalmente se seleccionaron aquellos SNPs presentes en genes anotados en procesos biológicos. La validación de SNPs fue realizada mediante HRM en sistema qPCR. Se identificó un total de 7.661 SNPs en 22.141 contigs con una frecuencia de 1 SNP cada 2.000 pb. Por otra parte se logró estandarizar mediante HRM un total de 30 marcadores del tipo SNPs. Este estudio entrega nuevas herramientas genómicas de alta resolución para futuros estudios en este recurso.

Financiamiento: FONDEF D09I1065.

BOTÁNICA

202. *CHLORAEA CYLINDROSTACHYA* POEPP. Y *CHLORAEA LEPTOPETALA* REICHE, DOS ESPECIES VÁLIDAS (Chloraea cylindrostachya Poepp. and Chloraea leptopetala Reiche., two valid species).

Rojas, G. & Mujica M. I.
Museo Nacional de Historia Natural.

La familia Orchidaceae cuenta con alrededor de 53 especies desde la región de Arica y Parinacota hasta Magallanes. En este trabajo se muestran los resultados de la caracterización morfológica de las especies *Chloraea cylindrostachya* (*Correorchis cylindrostachya* según Szlachetko & Tukallo 2008) y *Chloraea leptopetala*, que hasta hoy habían sido consideradas una sola especie (*C. cylindrostachya*). Las poblaciones incluidas en este trabajo provienen de la región de Aysén, y fueron estudiadas mediante el análisis de imágenes digitales a través del software IMAGE J, que consiste en calcular el área de estructuras reproductivas y vegetativas. Además se realizaron mediciones directas a los individuos en terreno. Las diferencias más notables se observan en el largo de la inflorescencia y en la relación largo inflorescencia/ largo planta. Coincidente con lo expuesto por autores como Novoa y Domínguez, nuestros resultados muestran importantes diferencias entre *C. cylindrostachya* y *C. leptopetala*, lo que certifica que estas entidades son realmente diferentes y por lo tanto, dos especies válidas.

Agradecimientos: A René Mellacura y Benjamín Molina.

203. CYANOBACTERIA OF THE ATACAMA DESERT (Cianobacterias del desierto de Atacama).

Pereira, I.¹, Johansen, J.² & Osorio, K.²

¹ Instituto Biología Vegetal y Biotecnología, Universidad de Talca.

² Norte 685, Talca, CHILE, E-mail: ipereira@utalca.cl.

² Department of Botany, John Carroll University, Cleveland. USA, E-mail: johansen@jcu.edu

The cyanobacteria that occur in desert soils in our country have not been up to now the subject of taxonomic study. A taxonomic knowledge of these prokaryotic organisms can provide great benefits in the future in food for humans and animals, in the pharmaceutical industry and in the development of agriculture more friendly with the environment. On the basis of that, the authors of this study initiated a taxonomical study of the cyanobacteria from different sites along several west-east transects in the Atacama Desert between La Serena (the southern limit) and Iquique (the northern limit). The samples of soil were obtained from cryptogamic crusts, pools, and waterfalls. Prior to the taxonomic determination of species, soil samples from each site of the transects were sieved and then plated on to culture medium agar (Z8 and Z8-N) and grown in controlled conditions for 3-4 weeks, after which they were isolated into unialgal cultures. For the taxonomic determination, the morphological and reproductive characters were analyzed. A total of 10 species were registered. The samples from pools or waterfalls were represented by the following species: *Leptolyngbya foveolarum*, *L. hansgirgiana*; *Nostoc commune* and *Cyanobium plantonicum*, while from the soil samples of cryptogamic crusts were found the following species: *Lyngbya* sp., *Pseudoanabaena* sp, among the Oscillatoriales and *Calothrix*, *Nostoc*, and *Tolypothrix* among the Nostocales.

Study financed by the project "Biodiversity of terrestrial cyanobacteria of Atacama desert, Chile, NSF, 2009-2011 and the logistic help of Universidad de Talca.

204. ANÁLISIS DEL NICHOS CLIMÁTICO ACTUAL Y FUTURO PARA ESPECIES DEL BOSQUE ESCLERÓFILO DE CHILE (Climatic niche analysis, present and future of species from Sclerophyllous Forest of Chile).

Letelier, L.¹, Rodríguez-Correa, H.¹, García-González, R.², Stoll, A.³ & González-Rodríguez, A.¹

¹ Centro de Investigaciones en Ecosistemas (CIEco), Universidad Nacional Autónoma de México, México.

² Departamento de Ciencias Forestales, Universidad Católica del Maule, Chile.

³ Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Universidad de La Serena, Chile.

Se evaluó el nicho climático de 8 especies arbóreas endémicas de Chile (i.e., *Beilschmiedia berteroaana*, *B. miersii*, *Crinodendron patagua*, *Cryptocarya alba*, *Kageneckia oblonga*, *Lithraea caustica*, *Peumus boldus* y *Quillaja saponaria*) formadoras del Bosque Esclerófilo Mediterráneo. Se utilizó el algoritmo de Máxima Entropía (MAXENT), con los datos de presencia obtenidos de los herbarios CONC, SGO, ULS, Herbario de la Universidad de Talca, además de las bases de datos electrónicas de GBIF y Trópicos y en aquellas especies donde el número de registros era reducido, se extrajeron registros provenientes del Catastro Vegetacional de la CONAF. Las variables climáticas actuales y futuras se obtuvieron a partir del uso de Worldclim. Obteniéndose como resultados mapas de cada una de las especies con la probabilidad de ocurrencia actual y futura (Escenario A1B para el año 2080). El modelo de cambio climático muestra que el Bosque Esclerófilo Mediterráneo se desplaza latitudinalmente hacia el Sur de Chile.

Becas Chile en el extranjero y Fondo Bosque Nativo CONAF.

205. CONSERVACIÓN *IN SITU* DE LAS CACTÁCEAS ENDÉMICAS DESDE EL DESIERTO DE ATACAMA A CHILE MEDITERRÁNEO (*In situ* conservation of endemic cacti from the Atacama desert to Mediterranean Chile).

Duarte, M.¹, Guerrero, P. C.^{1,2}, y Bustamante, R. O.^{1,2}

¹ Departamento de Ciencias Ecológicas.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad.

La planificación sistemática para la conservación es un método de optimización orientado a la búsqueda de aquellas áreas geográficas que tengan una mejor representación de las especies, en el menor área posible, mayor conectividad entre subáreas, y el menor costo de conservación. En particular realizamos una priorización de especies a partir de criterios evolutivos (unicidad taxonómica), biogeográficos (rango de distribución) y del estado de conservación de las especies. Adicionalmente, para optimizar las áreas territoriales para la conservación de cactáceas consideramos los costos de conservación a partir del uso del suelo. Se observó que la mayor riqueza de especies de cactáceas endémicas se encuentra en la zona norte de Chile entre los 22° y 31°S. Sin embargo, y de acuerdo a su unicidad taxonómica, las especies con mayor prioridad a conservar son del género *Maihueniopsis*, grupo compuesto por 11 especies en Chile distribuidas entre los 28°S y 30°S. La representatividad de las cactáceas endémicas en el Sistema Nacional de Áreas Protegidas del Estado (SNASPE), indica que un 60% de las especies se encuentran sin protección *in situ*. Actualmente, dentro del SNASPE se encuentran principalmente especies de amplia distribución y/o una baja unicidad taxonómica, no incorporando las 10 especies de mayor valor en términos biológicos.

Agradecimientos: ICM P05-002 & PFB -23 CONICYT.

206. COLONIZACIÓN Y DESARROLLO DE UN RODAL SIEMPREVERDE POSTERIOR A UN DERRUMBE DE ROCA EN HUINAY, PROVINCIA PALENA (Colonization and development of an evergreen forest after a rockfall in Huinay, Province of Palena, Chile).

Fitzek, R.

Fundación San Ignacio del Huinay / Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile, Valdivia.

La dinámica de los bosques nativos del Sur de Chile está fuertemente dominada por disturbios masivos frecuentes. Objetivo del presente estudio fue determinar patrones de colonización y desarrollo de un bosque siempreverde sobre un rodado en Huinay (42°22' S), zona Norte de los fiordos patagónicos. El derrumbe aconteció hace 53 años. Se midió la estructura diamétrica y se determinaron edades mediante método dendrocronológico. Se muestra que los árboles presentes pertenecen a un solo pulso inicial de establecimiento desde el primer año posterior al derrumbe. El rodal tiene actualmente una densidad de 2.385 individuos vivos y 1.360 muertos por hectárea, y un área basal de 65 m²/ha. La especie dominante con diámetros entre 20 y 70 cm es *Nothofagus dombeyi*, seguida por *Eucryphia cordifolia*, *Caldcluvia paniculata* y *Weinmannia trichosperma*, todas con diámetros de 5 a 40 cm. Se encontraron 21 especies vasculares, entre ellas ninguna exótica. El bosque se encuentra en la fase de exclusión de fustes, según el modelo de Oliver y Larson (1990). El estudio muestra la gran capacidad de colonización y el rápido desarrollo de rodales después de alteraciones catastróficas.

Patrocinio: Profesor Antonio Lara.

Agradecimientos: profesores M. González y A. Lara (UACH).

207. PRODUCCIÓN DE SEMILLAS Y HOJARASCA DE LAS ESPECIES NOTHOFAGUS DOMBEYI, LAURELIOPSIS PHILIPPIANA, Y SAXEGOTHAEA CONSPICUA EN LOS BOSQUES DE LA CORDILLERA ANDINA DE VALDIVIA, CHILE (Seed and litter production of the species *Nothofagus dombeyi*, *Laureliopsis philippiana*, and *Saxegothaea conspicua* in Valdivian Andean forests, Chile).

Fierro, P., González, M. E., Quezada, J.

Laboratorio de Ecología de Bosques, Instituto de Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile.

El presente estudio tiene por objetivo evaluar los patrones de producción de semillas y hojarasca de las especies arbóreas *Nothofagus dombeyi*, *Laureliopsis philippiana*, *Saxegothaea conspicua*. El estudio comprende el análisis mensual (2002-2010) de la colecta de semillas y hojarasca en cajones de 0.25 x 0.50 m, instalados bajo la cobertura de bosques antiguos de Coihue-Tepa-Maño-Trevo en el predio experimental San Pablo de Tregua (39°30' S 72° O). La producción de semillas de las especies estudiadas presenta una alta variabilidad interanual, con años de alta semillación y otros de nula producción. *N. dombeyi* presenta un patrón de producción de semillas bianual, donde la viabilidad de las semillas aumenta con la mayor producción. Similarmente, *L. philippiana* presenta años de muy alta producción asociada a una mayor viabilidad de sus semillas. *S. conspicua* por su parte, durante los últimos ocho años, solo ha presentado un año de abundante producción de semillas (2005), pudiendo catalogarse como una especie de semillación intermitente. La máxima caída de hojarasca se concentra en las estaciones de verano-otoño con un promedio anual de 0,42ton/ha.

Agradecimientos: Instituto de Silvicultura, DID-UACH.

208. VARIACIÓN FENOTÍPICA LATITUDINAL DE POBLACIONES DE *CONVOLVULUS ARVENSIS* (CONVOLVULACEAE) EN CHILE (Latitudinal phenotypic variation in populations of *Convolvulus arvensis* (Convolvulaceae) in Chile).

Matamala, F.¹, Atala C.¹

¹ Laboratorio de Anatomía y Ecología Funcional de Plantas, Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, U de C, Campus Los Ángeles.

Convolvulus arvensis es una planta perenne que posee facultativamente un hábito trepador o rastrero. Posee una gran plasticidad fenotípica y se distribuye en Chile desde la Región de Arica y Parinacota hasta la Región de Los Lagos. En este estudio se evaluaron las características fenotípicas de poblaciones de *Convolvulus arvensis* en distintas latitudes del país (Santiago, Talca, Chillan, Los Ángeles y Temuco), evaluando tanto módulos trepadores como rastreros. Se recolectaron 12 módulos por hábito en cada sitio, de tamaño similar (1 m aproximadamente), y creciendo en lugares abiertos. Se midió el largo de entrenudos y pecíolos, diámetro de la base y pecíolo, Y área y forma de la hoja. Además, se le realizó un corte transversal a la base, y se midió el tamaño de los vasos al microscopio. Se encontraron diferencias tanto en las características morfológicas como anatómicas entre las poblaciones, particularmente entre las poblaciones de Santiago y Temuco. Las diferencias observadas pueden atribuirse a una respuesta funcional a la precipitación, temperatura y luminosidad de cada sitio. Se deben hacer más estudios para confirmar si estas diferencias se deben a la plasticidad fenotípica o si ha ocurrido diferenciación ecotípica entre estas poblaciones.

Agradecimientos: OIRII UdeC Campus Los Ángeles. Escuela de Cs. y Tecnología, U de C.

209. VARIACIÓN GENÉTICA DE LA ESPECIE ENDÉMICA Y EN PELIGRO DE EXTINCIÓN *BERBERIS NEGERIANA* TISCHLER: IMPLICANCIAS PARA SU CONSERVACIÓN (Genetic variation of endemic and endangered *Berberis negeriana* Tischler: Implications for conservation).

Hernández, C., E. Ruiz, G., Fuentes.

Departamento de Botánica. Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción.

La familia Berberidaceae comprende 15 géneros y más de 650 especies, ampliamente distribuidas en el mundo, de las cuales 7 especies del género *Berberis* son nativas y 9 endémicas para Chile continental y dos endémicas del Archipiélago de Juan Fernández.

Berberis negeriana Tischler es un arbusto endémico de la zona centro sur de Chile, catalogado según Categorías y Criterios de la Lista Roja de la UICN en Peligro Crítico. Esta especie se distribuye de manera extremadamente restringida siendo conocidas según la literatura solo tres poblaciones, pero en el transcurso de la presente investigación se han encontrado otras dos poblaciones. El propósito de este trabajo ha sido determinar la variación genética de *Berberis negeriana*, estimar índices de estructuración poblacional y determinar la existencia de loci bajo selección. Se utilizaron 4 marcadores ISSR los que detectaron 32 loci polimórficos. La mayor proporción de la variación se encontró dentro de las poblaciones 63,89%, mientras que la variación entre poblaciones fue de 36,11%. Se determinó la existencia de 9 loci bajo selección los que pudieran estar

correlacionados con variables ambientales. Los resultados serán discutidos desde el punto de vista de la conservación de la especie.

Agradecimientos: Dirección de Investigación de la Universidad de Concepción.

210. PATRONES DE DIVERSIDAD GENÉTICA Y EL GRADIENTE DE ALTITUD EN LOS BOSQUES DEL CONO SUR DE SUDAMÉRICA: ¿UN LEGADO DE LOS CICLOS GLACIAL-INTERGLACIAL DEL CUATERNARIO? (Patterns of genetic Diversity and altitude gradient in forests of the southern cone of South America: a legacy of glacial-interglacial cycles of the Quaternary?).

Díaz, C.^{1,3}, Segovia, R.^{1,3}, Pérez, M. F.^{2,3,4}, Hinojosa, L. F.^{1,3}

¹ Laboratorio de Paleocología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile.

³ Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

⁴ Centro avanzados en Ecología y Biodiversidad, CASEB.

La distribución actual de los bosques de Sudamérica es un legado de los ciclos glaciales-interglaciales del Cuaternario. Estos bosques habrían experimentado dinámicas de contracción glacial y expansión postglacial. La ubicación de las poblaciones en periodos de contracción de rango han sido llamadas refugios glaciales. Desplazamientos en el gradiente latitudinal han sido ampliamente documentados, mientras que menor atención se ha puesto en el gradiente altitudinal. Evaluamos el patrón de diversidad genética en posibles áreas de refugio, en 17 especies forestales. Postulamos que la diversidad genética se concentraría en bajas altitudes disminuyendo conforme se incrementa la altitud, siguiendo un patrón de colonización en altura a medida que las temperaturas ascienden durante el postglacial.

Nuestros resultados indican que en especies termófilas, la diversidad genética se correlaciona negativamente con la altitud. En general, las especies tolerantes el frío, como *Nothofagus* y coníferas, no presentan tendencias significativas.

Agradecimientos: FONDECYT-1090339/110929; IMEB P05-002/PFB-23.

211. DINÁMICA FILOGENÉTICA DE NICHOS Y DIVERGENCIA DEL CLADO *NEOPORTERIA* (CACTACEAE), BAJO GRADIENTES CLIMÁTICOS EN CHILE MEDITERRÁNEO (Phylogenetic niche dynamics and the divergence of the *Neoporteria* (Cactaceae) under climatic gradients in mediterranean Chile).

Guerrero P. C., MTK Arroyo y R. O. Bustamante.
Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas Universidad de Chile.

La dinámica filogenética del nicho climático (DFNC) es una propiedad de cada clado y está relacionada con el proceso de divergencia que ocurre en áreas con ciclos y gradientes climáticos. En este estudio caracterizamos y evaluamos el rol de la DFNC en la divergencia del clado *Neoporteria* (Cactaceae), grupo endémico a Chile mediterráneo compuesto por 11 taxa. Se estudió el patrón de variación de aquellas variables canónicas que explican mayormente la variabilidad de datos climáticos por cada taxón, las cuales fueron construidas usando Análisis de Componentes Principales (PCA). Encontramos que el nicho climático varía en el tiempo y que, el patrón de divergencia indica evolución del nicho hacia óptimos climáticos (modelo Ornstein-Uhlenbeck). La disparidad de nicho es coherente con la separación espacial de la configuración climática entre taxa hermanas. Estos resultados sugieren que cambios climáticos pasados favorecieron la separación de la distribución espacial del taxón ancestral, y que el cambio del nicho climático impide el flujo genético entre taxa hermanas.

Agradecimientos: ICM P05-002 & PFB -23 CONICYT.

212. ESTUDIO CROMOSÓMICO EN 17 ESPECIES DEL GÉNERO *LEUCOCORYNE* (ALLIACEAE) (Karyological study in fifteen *Leucocoryne* species (Alliaceae)).

Jara-Arancio, P., Jara-Seguel, P., Palma-Rojas, C., Arancio, G. & Moreno, R.
Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Biológicas y Departamento de Ecología y Biodiversidad Universidad Andrés Bello, Escuela de Ciencias Ambientales Universidad Católica de Temuco, Departamento de Biología Universidad de La Serena.

Se realizaron estudios cromosómicos en 17 especies del género *Leucocoryne*, que se basaron en la morfología, tamaño y niveles de asimetría cromosómica. Los resultados determinaron que al interior del género en estudio existen dos grupos asociados a su número cromosómico: $2n = 10$ y $2n = 18$. Las especies que conforman el grupo de $2n = 10$ presentan tres pares de cromosomas metacéntricos y dos subtelocéntricos o telocéntricos, mientras que en el grupo de $2n = 18$ presenta siete pares de cromosomas metacéntricos y dos subtelocéntricos o telocéntricos. Estos resultados estarían apoyando la hipótesis de Crosa que sugiere que $2n = 10$ es diploide y quizás ancestral y que $2n = 18$ es tetraploide con una fusión cromosómica, siendo éste un estado derivado.

Agradecimientos a Proyectos ICM P05-002, PFB-23.

213. COMPLEJOS ESTOMÁTICOS EN MIRTÁCEAS CHILENAS (Stomata complex in Chilean Myrtaceae).

Arce, C., Borbar, N., Naulin, P. I.
Escuela de Ing. Forestal, SyCN, Laboratorio de Biología Vegetal, Universidad de Chile. Patrocinadora: Denise Rougier Herrera.

La familia Myrtaceae perteneciente al orden de Mirtales, se caracterizan por encontrarse en sitios de abundante humedad y por ende poseen una distribución estomática particular. Se caracterizó esta distribución en algunas myrtaceas chilenas utilizando las siguientes especies: *Luma apiculata*, *L. gayana*, *L. chequén*, *Myrceugeniaexsucca*, *M. lanceolata*, *M. correifolia*, *M. shulzei* y *M. pinifolia*. Las muestras se diafanizaron según el método de Stittmatter y Dizeo (1973) las cuales fueron posteriormente montadas en gelatina glicerinizada. Las imágenes fueron digitalizadas y medidas con ImageJ, obteniendo datos de longitud y ancho de células oclusivas y adyacentes y sus promedios. Los datos se analizaron mediante ANOVAs no paramétricos en el programa R. Los análisis revelan la presencia de diferencias significativas entre géneros en todos los parámetros medidos. A nivel de especies, *Luma chequén* presenta los mayores valores en dichos parámetros, sobresaliendo entre todas las especies tanto de su género como las del género *Myrceugenia*. Al contrario *Luma gayana* es la especie que presenta el menor tamaño en todas las variables utilizadas.

Agradecimientos: Lab. de Biología Vegetal, CFCN y Albornoz, A.

214. MALEZAS EN LA ISLA DE ALEJANDRO SELKIRK (ARCHIPIÉLAGO DE JUAN FERNÁNDEZ, CHILE) Y SU EFECTO SOBRE LA VEGETACIÓN NATIVA Y ENDÉMICA (Weeds in Alejandro Selkirk Island (Juan Fernández Archipelago, Chile), and their effects on native and endemic vegetation).

¹Baeza, C., ²López, P., ²Stuessy, T., ³Peñailillo, P., ²Greimler, J., ¹Ruiz, E., ⁴Novoa, P. & ⁵Gatica, A.

¹ Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Casilla 160-C, Concepción, Chile.

² Department of Systematic and Evolutionary Botany, Biodiversity Center, University of Vienna, Rennweg 14, A-1030, Vienna, Austria.

³ Departamento de Biología Vegetal y Biotecnología, Universidad de Talca, 2 Norte 685, Talca, Chile.

⁴ Jardín Botánico de Viña del Mar, Corporación Nacional Forestal, Camino El Olivar 305, Viña del Mar, Chile.

⁵ Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de La Serena, Casilla 599, La Serena, Chile.

Oceanic islands are delicate ecosystems that are easily perturbed by natural (i.e. subsidence, erosion, and ecological restriction) and human-induced factors (such as building of resorts, plantations, condominiums, and roads). Another source of serious impact on oceanic islands has come from the introduction of invasive plants that often out-compete native and endemic members of the flora and fauna. Juan Fernandez Archipelago is a Biosphere Reserve located 687-867 kms W of continental Chile, and conformed by two principal islands (Robinson Crusoe and Alejandro Selkirk) and a third smaller island (Santa Clara). The total number of endemic and native taxa of vascular plants in the Archipelago is 209, of which 124 are endemic, and 227 introduced species. Some research on weeds has been conducted in the archipelago, but none aimed at the plants introduced on Alejandro Selkirk Island. The aims of this research are: (1) an inventory of introduced species present in the only village on the island; and (2) investigate the presence and coverage of these same species in 89 vegetational relevés over the island. The results show 67 species of 30 families growing in villa Las Casas, with the families Apiaceae, Asteraceae, Caryophyllaceae, Poaceae, and Solanaceae containing the most weedy species. Forty-one invasive species were found in 89 vegetational relevés, the most frequent species are *Anthoxanthum odoratum*, *Hypochaeris radicata*, and *Rumex acetosella*.

Financed by Austrian Science Foundation (FWF, P21723-B16) and Department of Botany, University of Concepción.

215. GENÓMICA POBLACIONAL EN ALSTROEMERIA HOOKERI LODD. SUBSP. HOOKERI (ALSTROEMERIACEAE) OBTENIDO CON MARCADORES ISSR (Population genomics in *Alstroemeria hookeri* Lodd. subsp. *hookeri* (Alstroemeriaceae) with ISSR markers).

Cisternas, A. Fuentes, G. Ruiz, E. Baeza, C. M. Negritto, M. A. Departamento de Botánica. Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción.

El género *Alstroemeria* se encuentra representado en Chile por 33 especies, distribuidas en la zona central del país. Dentro del género destaca el complejo *Alstroemeria hookeri* que presenta 4 subespecies de importancia comercial como planta ornamental, entre las cuales destaca *Alstroemeria hookeri* subsp. *hookeri*, que presenta dos rangos de distribución costa e interior en la región

del Maule y Bío-Bío: según datos publicados, existe una marcada estructuración poblacional, entre poblaciones del interior por lo que constituiría una nueva subespecie. El objetivo de este trabajo es determinar loci bajo selección mediante ISSR y su correlación con factores ambientales. Se compararon seis poblaciones de ambos rangos de distribución, con 5 partidores ISSR; 11 loci ISSR presentaron valores F_{ST} pertenecientes a la zona de rechazo en la curva de distribución normal con un 95% de confianza, por lo que se infiere que se encuentran bajo selección. El índice de fijación para las poblaciones fue de 0,36 por lo que presentan una alta diferenciación genética. Los loci bajo selección presentan correlación con variables ambientales importantes desde el punto de vista de conservación de la subespecie.

Agradecimientos: Fondecyt 1070520, DIUC 204.111.036-1.0

216. CONTRIBUCIÓN AL CONOCIMIENTO DE LA FLORA VASCULAR DE LA RESERVA PRIVADA HUILO HUILO, REGIÓN DE LOS RÍOS, CHILE (Huilo Huilo private reserved area, Región de los Ríos, Chile: a contribution to their vascular flora).

Teillier, S., Bonnemaïson, C., Delaunoy, J., Macaya, J. Fundación Huilo Huilo.

Las áreas protegidas estatales juegan un papel decisivo en la conservación de la naturaleza; las reservas privadas son aliadas importantes, pues mejoran su representatividad y aumentan su superficie. La reserva privada Huilo Huilo se encuentra en la ecorregión de los bosques templados del sur de Sudamérica; incluyendo en ella diversos tipos de bosques y matorrales de *Nothofagus* y vegetación andina. Se ubica en la Región de Los Ríos, localidad de Neltume (39°51'S-71°57'W) entre 500 y 2.000 m altitud. Los resultados corresponden al estudio de un cuadrante de ca. 11 x 20 km. La riqueza de la flora alcanza a unas 380 especies, repartidas en 81 familias y 157 géneros. Un 86% son nativas, de las que un 9% (28) son endémicas de Chile y un 14%, introducidas. Las hierbas perennes alcanzan a casi un 70%, seguidas por los arbustos (15%) y los árboles (8%); las hierbas perennes son más frecuentes tanto entre nativas como entre introducidas. Las 328 especies nativas registradas en los bosques de Huilo Huilo representan casi un 50% de las que crecen en los bosques de la ecorregión; sus familias y géneros representan, a su vez, un 85 y un 75%, respectivamente. La reserva incluye, además, 14 especies amenazadas.

217. LAS ESPECIES DE GAULTHERIA (ERICACEAE) QUE CRECEN EN CHILE: UNA REVISIÓN (The species of *Gaultheria* (Ericaceae) growing in Chile: a revision).

Teillier, S. & Escobar, F.
Escuela de Arquitectura del Paisaje.

Universidad Central como parte de la preparación de la publicación "Flora de Chile", se hizo una revisión de *Gaultheria* L. (Ericaceae) con los métodos clásicos. Se tuvieron a la vista los tipos y las colecciones de los herbarios SGO y CONC, además de los sitios WEB de instituciones que contienen fotos de tipos o isotipos. Se concluyó que *Gaultheria* es un género que en Chile presenta varias complejidades: una centena de nombres propuestos por los botánicos de todos los tiempos; taxa complejos con amplísima variación en la morfología foliar como *G. mucronata*, *G. poeppigii* y *G. racemulosa*, taxa intermedios entre especies (¿híbridos?) y taxa indistinguibles en ausencia de frutos (Ej. *G. phyllireifolia*-*G. mucronata*). Como conclusión de la revisión se aceptan para Chile 12 especies y una variedad: *G. angustifolia*, *G. antarctica*, *G. cespitosa*, *G. insana*, *G. mucronata*, *G. phyllireifolia*, *G. poeppigii*, *G. pumila*, *G. pumila* var. *leucocarpa*, *G. racemulosa*, *G. rengifoana* y *G. tenuifolia*. Se rehabilitan *G. rengifoana*, una especie amenazada de extinción incluida en forma errónea en la sinonimia de *G. insana*; y *G. angustifolia*, una especie afín a *G. mucronata*, pero con hojas más estrechas y diferentes hábitat y distribución geográfica. Finalmente, se llama la atención sobre *G. nubigena*, una especie de distribución muy estrecha que merece protección.

Agradecimientos: Proyecto Flora de Chile-Universidad de Concepción.

218. SISTEMÁTICA DEL GÉNERO POLYPOGON DESF. (POACEAE: AGROSTIDINAE) EN CHILE (Systematic of the genus *Polygogon* Desf. (Poaceae: Agrostidinae) in Chile).

¹Ulloa, W., ¹Giampaoli, A., ²Contreras, L., ¹Fuentes, G., ¹Ruiz, E., ¹Baeza, M., ¹Marticorena, A., & ²Finot, V.

¹ Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Casilla 160-C, Concepción, Chile. wulloa@udec.cl

² Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía, Universidad de Concepción, Casilla 537, Chillán, Chile.

La taxonomía de *Polygogon* no ha sido revisada desde que, en 1985, Christa Müller estudió las especies sudamericanas. Comprende 26 especies de regiones templado-cálidas de ambos hemisferios, de las cuales 10 han sido citadas para Chile, incluyendo las especies de *Chaetotropis* que algunos autores aceptan como género. La sistemática de *Polygogon* es compleja debido a su estrecha afinidad con *Agrostis* L., con el cual puede hibridar [x*Agropogon lutosus* (Poir.) P. Fourn.]. En este trabajo se revisa la taxonomía del género en Chile utilizando datos morfológicos y moleculares. Se utilizaron métodos multivariados para analizar los límites de las especies y la variabilidad de los caracteres (Cluster, PCA, PCoA, DA). Se estudió la anatomía foliar y la micromorfología de la lemma. Se secuenciaron las regiones ITS y los marcadores cloroplastidiales trnD-trnT y rpl16-trnK. Se proponen dos nuevas combinaciones y se describe una nueva especie. Se reconocen 12 especies para Chile, reunidas en dos secciones. Se descarta la presencia de *P. maritimus*. Se entrega un tratamiento taxonómico, claves, descripciones, ilustraciones y mapas de las especies presentes en Chile.

Proyecto DIUC 210.121.0.14-1.0

219. ANATOMÍA DE PECÍOLOS Y RIZOMAS DE 4 ESPECIES DE HYMENOPHYLLACEAE DE CHILE (Anatomy of petiole and rhizome of 4 Hymenophyllaceae species of Chile).

Flores, S.¹, Parra, M. J.², Alfaro, J. F.¹, Atala, C.¹

¹ Laboratorio de Anatomía y Ecología funcional de Plantas, Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, UdeC, Campus Los Ángeles.

² Departamento de Botánica, UdeC.

La familia Hymenophyllaceae se caracteriza por poseer hojas sin estomas, con una sola capa de células y pocos caracteres morfológicos distintivos. La taxonomía del grupo es aún poco clara y se requieren más caracteres para separar las especies. La anatomía del pecíolo y rizoma de estas especies no ha sido muy estudiada. En este trabajo se seleccionaron 4 especies de Hymenophyllaceae, pertenecientes 3 géneros (*Hymenoglossum*, *Hymenophyllum* y *Serpyllopsis*), y se analizó la anatomía del rizoma y pecíolos. Se realizaron cortes transversales los que fueron fotografiados con una cámara anexa a un microscopio óptico para su posterior análisis con un software. Se midieron los tamaños de los elementos traqueales, valor de Huber, número de conductos y área de tejido de vascular en pecíolos y rizomas. Se encontró que existe ahusamiento de los conductos desde el rizoma a los pecíolos, rasgo común en muchas plantas vasculares. Hay diferencias entre especies en las variables anatómicas, posiblemente relacionadas con diferencias en el área foliar. Cualitativamente, sin embargo, las especies son similares. Estos y otros rasgos anatómicos, como la epidermis, podrían aportar a la separación de las especies de Hymenophyllaceae.

Agradecimientos: OIRII UdeC Campus Los Ángeles.

220. ANATOMÍA DEL TALLO DE POLYTRICHACEAE (BRYOPHYTA) QUE HABITAN EN CHILE (Stem anatomy of Chilean polytrichaceae (bryophyta)).

Carrasco, J.¹, Alfaro, J. F.¹, Larraín, J.², Atala, C.¹.

¹ Laboratorio de Anatomía y Ecología Funcional de Plantas, Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, UdeC, Campus Los Ángeles.

² Departamento de Botánica, UdeC.

En los musgos, el gametofito carece de tejido vascular y consta de un tallo que se fija al sustrato mediante rizoides. Sin embargo, los musgos de la familia polytrichaceae poseen tejido conductor especializado, formado por células denominadas hidroides y leptoides. Este grupo no ha sido poco estudiado, en especial desde el punto de vista funcional. Este estudio pretende analizar la anatomía del tallo de distintas especies de polytrichaceae endémicas de Chile. Se seleccionaron individuos de 10 especies de polytrichaceae a los que se les realizaron cortes transversales del tallo. Las muestras se fotografiaron con una cámara digital anexada a un microscopio óptico. Posteriormente, se realizaron mediciones anatómicas mediante un software. Todas las especies analizadas poseen un haz central bien definido de tejido conductor. Existieron diferencias entre especies en el tamaño y número de hidroides y en el área de tejido vascular en sección transversal. Estas diferencias anatómicas se explican parcialmente por diferencias en el tamaño de las plantas. Estos datos contribuyen a la caracterización anatómica de las especies de polytrichaceae de Chile, y pueden aportar para futuros estudios funcionales en este grupo de musgos.

Agradecimientos: Oirii Udec Campus Los Ángeles, Dirección Campus Los Ángeles.

ECOLOGÍA

221. EFECTO DE LA IMPLEMENTACIÓN DE ÁREAS DE MANEJO SOBRE LA ABUNDANCIA DE *FISSURELLA* SPP. EN ÁREAS DE LIBRE ACCESO (Effects of management areas on abundance of *Fissurella* spp. In open access areas).

Steel A. **Fernández M.**, Vidal F., Parma A., Barahona N., Guerra J. Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

Desde la implementación de las Áreas de Manejo y Explotación de Recursos Bentónicos (AM) varios estudios han demostrado que (1) la abundancia de recursos bentónicos en AM es significativamente mayor que áreas de libre explotación y (2) la diversidad de especies en áreas de libre explotación es menor que la reportada en AM y zonas protegidas marinas. Esto ha conducido a valorar el rol de las AM como instrumento de manejo sustentable. Sin embargo, es altamente probable que el notable deterioro de áreas de libre explotación esté relacionado al aumento en el número de AM y la subsecuente redistribución del esfuerzo pesquero. Datos de captura y esfuerzo dentro y fuera de AM disponibles de la base de datos de seguimiento bentónico y de agrupaciones de pescadores artesanales fueron analizados para el recurso lapa (*Fissurella* sp.) en Chile central. Nuestros análisis demuestran que la abundancia de *Fissurella* spp. en áreas de libre acceso exhibe caídas en abundancia más abruptas a partir del establecimiento de AM, mientras que la abundancia del mismo recurso aumenta en AM. Estos resultados cuestionan el establecimiento de medidas de manejo con fiscalización dispar y sugieren la necesidad de establecer urgentes medidas de manejo para áreas abiertas.

FONDECYT.

222. IMPACTO DE TURISTAS SOBRE ORGANISMOS MARINOS EN CHILE CENTRAL (Impact of tourism on marine organisms in central Chile).

González, C., Álvarez, A., Gelcich, S. y Fernández, M. ICIM y CASEB, Pontificia Universidad Católica de Chile.

El litoral central de Chile concentra una alta actividad turística que en verano alcanza el millón de visitantes. En playas con ambientes rocosos es común ver a turistas recolectando organismos marinos de diversos grupos taxonómicos. A pesar de las evidencias de sobreexplotación por pesca artesanal, los efectos de esta actividad turística sobre comunidades marinas no han sido cuantificados. Para caracterizar la diversidad de especies recolectadas por turistas y estimar su efecto sobre las comunidades marinas (1) muestreamos el conjunto de especies colectadas por turistas (28 especies), (2) muestreamos las comunidades intermareales antes y después de los periodos de mareas bajas más intensos y (3) aplicamos encuestas a turistas recolectores y pasivos (N=280). Las especies más extraídas correspondieron a *Sticaster striatus* y *Tegula atra* (33% y 32% de los turistas, respectivamente), seguidas por *Prisogaster niger*, *Fissurella crasa* y *Heliaster helianthus* (15%). Aunque no se detectó un efecto significativo sobre la biodiversidad, se observó una disminución significativa de la talla y abundancia de *T. atra* y *P. niger*, dependiente de la intensidad del turismo por playa y de las condiciones ambientales durante los periodos de mareas más bajas (tiempo, oleaje, hora). Se discuten los impactos de esta actividad sobre las comunidades marinas.

Financiamiento y Beca CONICYT. Centro de Conservación Marina Pew Fellowship in Marine Conservation M. Fernández

223. VALIDANDO LA HIPÓTESIS DEL CENTRO DE ABUNDANCIA EN MOLUSCOS MARINOS: DETERMINANTES EVOLUTIVOS Y ECOLÓGICOS (Validating the abundant center hypothesis in marine mollusks: evolutionary and ecological determinants).

Rivadeneira, M. M.^a, Albailly, A. H.^a, Villafaña, J.^a
^a Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA).

La hipótesis del centro de abundancia (HCA) plantea que la abundancia de las especies debiera maximizarse hacia el centro de sus rangos geográficos de distribución, decayendo hacia los bordes. Sorprendentemente, esta simple idea ha sido escasamente evaluada, su generalidad aparece rebatida por la limitada evidencia empírica, y los factores que promoverían su ocurrencia son poco comprendidos. En este trabajo, evaluamos la validez de la HCA en 55 especies de moluscos marinos a lo largo de la costa Pacífica de Sudamérica. Para la gran mayoría de las especies (ca.70%), la variación espacial en la abundancia relativa se ajustó a las predicciones de la HCA. Se evaluó además la importancia de diferentes variables ecológicas y de historia de vida de las especies como determinantes del grado de ajuste a la HCA. Las especies que se ajustan a la HCA tienden a distribuirse preferentemente en la zona sur de Chile, son evolutivamente más antiguas, poseen rangos geográficos más grandes y abundancias relativas más bajas. Esto sugiere que los patrones biogeográficos contemporáneos de la abundancia de las especies podrían estar fuertemente determinados por su historia evolutiva. De este modo, la validez de la HCA podría variar geográficamente en función de los procesos evolutivos que han moldeado las biotas.

Financiamiento: FONDECYT # 11110582.

224. GRADIENTE LONGITUDINAL DE RIQUEZA DE ESPECIES DE LA FAMILIA GRAPSIDAE (CRUSTACEA).

Gallardo M. de los A., Haye P., Rivadeneria M.
Departamento de Biología Marina: Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte.

El gradiente canónico longitudinal de riqueza de especies (GLoR) en zonas tropicales se caracteriza por una alta riqueza en el Indo-Pacífico y un decremento horizontal asimétrico de la riqueza. Los grápsidos siguen este patrón, con mayor riqueza en la clina tropical y una marcada disminución al Oeste. En este estudio se evalúan el conservatismo biogeográfico (hipótesis histórica) y la diversificación (hipótesis evolutiva) como mecanismos explicativos del GLoR. Se analizó la distribución de 41 especies y ocho géneros de Grapsidae en 56 provincias biogeográficas. La hipótesis histórica se analizó con el grado de ordenamiento distribucional, se encontró que la distribución de especies/géneros está fuertemente anidada ($p < 0,001$); las provincias depauperadas son un sub-set de aquellas con mayor riqueza. Además, el punto medio longitudinal de la distribución de especies mostró señal taxonómica ($p < 0,001$), sugiriendo que el rango de distribución longitudinal es conservado. La hipótesis evolutiva, evaluada con la distinción taxonómica no provee explicación al GLoR, ya que los patrones no difieren de lo esperado por el modelo nulo. Los resultados de anidamiento y conservatismo taxonómico avalan la hipótesis histórica. Se propone que procesos de dispersión evolutiva y un marcado conservatismo filogenético en la distribución longitudinal estarían moldeando el GLoR en grápsidos.

225. LA REGLA DE BERGMANN Y NEMATODOS A LO LARGO DE LA COSTA DE CHILE (Bergmann's Rule and Nematodes along the Exposed Coast of Chile).

Lee, M. R.^{1,2} y Riveros, M.²

¹ Centro de Investigación y Desarrollo de Recursos y Ambientes Costeros (i-mar), Universidad de Los Lagos, Camino a Chiquihue km 6, Casilla 557, Puerto Montt, Chile.

² Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas y Laboratorio Costero de Recursos Acuáticos de Calfuco, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

La regla de Bergmann sugiere que dentro un grupo taxonómico las especies con tamaños corporales más grandes se registran en latitudes más altas. Un análisis de la información disponible en la literatura para nematodos en la costa de Chile apoya la regla de Bergmann con una relación positiva y significativa para el largo corporal y aumentos en latitud. Para poner a prueba esta relación, muestras cuantitativas de nematodos fueron recolectadas desde 66 sitios a lo largo de la costa de Chile. Los resultados de este análisis mostró una relación positiva pero no significativa para la variación del largo corporal de los nematodos con aumentos en latitud. La variación intraespecífica fue examinada para 11 especies, con mediciones del longitud y ancho corporal, longitud del esófago, longitud de la cola, y los razones estandarizadas De Man. Ningún patrón consistente fue revelado; algunas especies mostraron relaciones positivas, otras negativas, y otras no mostraron una relación con la latitud. Además, ninguna relación significativa fue revelada al examinar los nematodos en distintos niveles taxonómicos, ni distintos gremios tróficos. Claramente factores aparte de latitud, y sus variables asociados como temperatura, tiene influencia sobre la morfometría de nematodos.

Patrocino: Dra. Paula Neill (UCSC).

(Financiamiento Proyecto Fondecyt 1080033).

226. PATRONES DE RECAMBIO DE ESPECIES INTERMAREALES EN UNA ZONA DE TRANSICIÓN BIOGEOGRÁFICA (Intertidal species turnover in a transitional biogeographic zone).

González^{*a}, A. E., Valdivia^b, N. Aguilera^a, M. A., B. Broitman^{a,c}

^{*} Doctorado en Biología y Ecología Aplicada, UCN-ULS.

^a CEAZA-UCN.

^b Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, UACH.

^c CASEB-PUC.

Uno de los aspectos más importantes de la biodiversidad es la variación en la composición de especies entre localidades (diversidad β). Sin embargo, existe escasa información sobre los factores que la determinan y las escalas espaciales a las cuales operan. En la zona centro-norte de Chile (~30°S) se ha observado una alta variabilidad climática asociada a gradientes oceanográficos y atmosféricos, la cual se asocia a la presencia de bordes en la distribución geográfica de varias especies intermareales. Proponemos que la tasa de recambio de especies será mayor dentro de sitios situados alrededor (~100 km) de los 30°S en comparación con sitios alejados (~400 km) de esta zona. Con este fin, se analizó el patrón latitudinal de diversidad beta considerando información recopilada entre 1998-2011 para 24 sitios intermareales de la zona centro-norte de Chile (28°S-36°S). Los resultados indican una alta variabilidad en el recambio local de especies para los sitios alrededor de los 30°S. Un modelo de decaimiento de la similitud versus distancia entre sitios al norte y al sur de los 30°S, mostró un alto recambio de especies en sitios cercanos y alrededor de esta latitud. De esta forma, se sugiere que

la variabilidad oceanográfica y climática asociada a esta zona de transición biogeográfica puede influenciar la dinámica local de la diversidad con potenciales consecuencias para los bordes de distribución de algunas especies.

Patrocino: Beca Doctorado Conicyt 2011.

227. POLIQUETOS BENTÓNICOS SUBMAREALES DE LA PROVINCIA BIOGEOGRÁFICA MAGALLÁNICA DESDE EL ESTUARIO RELONCAVÍ (41°40,76'LAT.S) HASTA CANAL CONCEPCIÓN (50°09,03'LAT.S), CHILE.

Rozbaczylo, N.¹, Vásquez-Yáñez¹, P. & Moreno², R. A.

¹ Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, nrozbaczylo@bio.puc.cl

² Facultad de Ciencias, Universidad Santo Tomás, Concepción.

Se estudió la diversidad de poliquetos bentónicos submareales de fondos blandos, obtenidos en los Cruceros de Investigación CIMAR-7, 8, 10, 11, 12, 13 y 14 Fiordos, abarcando la X y XI Región desde el estuario Reloncaví hasta canal Concepción, entre los años 2001 y 2008. Las muestras de sedimento fueron obtenidas con una rastra Agassiz modificada y con Box-corer, entre 20 y 933 metros de profundidad, a bordo del buque oceanográfico de la Armada de Chile AGOR "Vidal Gormaz". Se encontró un total de 109 especies de poliquetos. En la X región 31 de 69 especies se registran por primera vez. En la XI región 42 de 69 especies encontradas también correspondieron a un primer registro. En ambas regiones predominan las especies omnívoras/carnívoras, un 39% en la X región y un 55% en la XI región, seguidas de las depositívoras superficiales con un 24% y 26%, respectivamente. Nuestros resultados han permitido incrementar los valores de riqueza específica de poliquetos conocidos hasta ahora para la zona de fiordos y canales de la provincia biogeográfica magallánica y ampliar los rangos de distribución geográfica y batimétrica de algunas especies, hasta los 900 metros de profundidad.

Financiamiento CONA-SHOA, proyectos CIMAR-Fiordos.

228. INFLUENCIA DE LA DESCARGA DE AGUAS ÁCIDAS SOBRE LA ESTRUCTURA Y DIVERSIDAD FUNCIONAL DE COMUNIDADES ASOCIADAS A MANTOS DE MITÍLIDOS INTERMAREALES (Influence of acidic waters discharges upon structure and functional diversity of communities associated to intertidal mussel beds).

¹Prado, L., ²Vargas, C., ³Torres, R., ⁴Lardies, M., ¹Lagos N. A.

¹ Laboratorio de Ecología y Cambio Climático, Facultad de Ciencias-UST.

² EULA-UDEC.

³ CIEP-UACH, ⁴Depto. Ciencias y Fac. Ingeniería, UAI.

La arquitectura y complejidad de los mantos de mitílicos intermareales constituyen un hábitat para una amplia variedad de especies. En este trabajo evaluamos los cambios en estructura y diversidad de grupos funcionales en mantos del mitilido *Perumytilus purpuratus* expuestos a condiciones contrastantes de descarga de aguas de ríos en la costa de Chile central. La riqueza y uniformidad de los ensambles de especies presentaron claros patrones de segregación (NMDs) entre mantos influenciados por descarga del río Maipo (San Antonio) respecto a los de Las Cruces (sin influencia). Estas diferencias están determinadas por un aumento en la abundancia y ocurrencia de organismos calcificadores (moluscos y cirripedios) en Las Cruces. Esto resulta en un cambio en el uso del espacio y sobre la distribución de frecuencia de especies del ensamble. Los resultados sugieren que el efecto positivo sobre la diversidad de ingenieros ecosistémico como *P. purpuratus* puede verse disminuida por variaciones en pH de la zona costera. Asimismo, el aumento de calcificadores en Las Cruces, sugiere que vía mineralización (carbonato de calcio), estos mantos podrían representar importantes sumideros de dióxido de carbono en ecosistemas intermareales.

Agradecimientos: Proyecto Fondecyt 1090624 - ANILLO ACT-132.

229. PATRONES DE OCUPACIÓN DE CONCAVIDADES POR MOLUSCOS EN PAREDONES SEDIMENTARIOS INTERMAREALES: PRODUCTO DE INTERACCIONES BIOLÓGICAS? (Patterns of concavity occupancy by mollusks on sedimentary intertidal walls: product of biological interactions?).

Arancibia P., López D., y George-Nascimento M.

Facultad de Ciencias, Departamento de Ecología costera, Universidad Católica de la Santísima Concepción.

El homing, conducta de uso de hábitat, ha suscitado la atención por sus implicancias con interacciones biológicas. Ciertos moluscos retornan después de cada ciclo de actividad al mismo espacio, generando en el sustrato una cicatriz (concauidad) que defienden pues permite minimizar la desecación y evitar la depredación. En Arauco, paredones sedimentarios presentan concauidades donde coexisten dos taxa de moluscos. Para discernir si sus patrones de distribución son producto de interacciones biológicas, se evaluó la ocupación de concauidades por *Scurria* spp. y *Siphonaria lessoni*. Durante febrero de 2010 se censó un área de 17,6 m², se contabilizó el número de concauidades, abundancia y composición de especies dentro y fuera de estas. Un 65% de las concauidades estaban ocupadas por al menos un individuo y el 90% de los moluscos se encontró dentro de ellas. Los patrones de ocupación no mostraron diferencias entre alturas del paredón pero si entre taxa: *Scurria* spp. ocurrió más frecuentemente en solitario, a diferencia de *S.*

lessoni. Se registraron menos coocurrencias interespecíficas que las esperadas por azar (C-Score=2074, p<<0,01) y bajo cuatro escenarios competitivos. Esto sugiere que la dinámica espacial del sistema resulta de interacciones competitivas combinadas con conductas de evasión de riesgos.

Patrocinador: Patricio A. Camus.

230. MEROPLANKTON ENDÉMICO EN ISLA ROBINSON CRUSOE (ARCHIPIÉLAGO DE JUAN FERNÁNDEZ): ESTÁN LOS PATRONES ESPACIALES Y TEMPORALES RELACIONADOS CON PROCESOS BIOFÍSICOS? (Endemic meroplankton in Robinson Crusoe Island (Juan Fernández archipelago): are the spatial and temporal patterns related to biophysical processes?).

Manríquez¹, K. Landaeta², M. F. Riquelme³ R. & Palma¹ A. T.

¹ Departamento de Ecología & CASEB, P. Universidad Católica de Chile.

² Facultad de Ciencias del Mar y de Recursos Naturales, Universidad de Valparaíso.

³ Departamento de Oceanografía, Universidad de Concepción.

En la isla Robinson Crusoe coexisten diversas especies endémicas de peces e invertebrados costeros, y pese a poseer muchas de ellas una fase larval dispersiva es poco lo que conocemos acerca de los mecanismos asociados con probables mecanismos asociados con el autorreclutamiento que probablemente opera en estas especies. Evaluamos si procesos biofísicos son los responsables de conservar tal endemismo, relacionando los patrones espacio-temporales del meroplankton con potenciales mecanismos retentivos. Entre octubre del 2008 y marzo de 2011 se realizaron muestreos costeros (diurnos y nocturnos) de plancton alrededor de la isla, a dos profundidades (superficiales y 10 m). De los 29 taxa de larvas de peces y 13 taxa de decápodos registradas, 12 y 3, respectivamente, correspondieron a especies endémicas. Estas fueron comparativamente más abundantes en capas superiores del agua y cerca de la costa en los muestreos nocturnos, lo que sugiere un comportamiento de migración vertical diurno-nocturno. Adicionalmente, en larvas de peces endémicas la formación de los elementos hipurales de la cola ocurrió a tamaños pequeños (<1 cm), lo que sugiere un rápido desarrollo ontogenético de sus capacidades natatorias. Al igual que en otros sistemas insulares, este comportamiento larval es congruente con mecanismos de retención en un sistema que muestra patrones de circulación costeros contrastantes a distintas profundidades.

FONDECYT: 1080009.

231. RELACIÓN ENTRE INTENSIDAD DE SURGENCIA Y DIVERSIDAD DE GRUPOS FUNCIONALES ALGALES EN EL NORTE DE CHILE (Relationship between upwelling intensity and diversity of algal functional groups in northern Chile).

Ávila-Thieme, M. I. & Camus, P. A.

Departamento de Ecología, Universidad Católica Sma. Concepción.

La surgencia puede influir en la diversidad en comunidades litorales, actuando de manera distinta a través de la costa y generando variaciones entre comunidades. A su vez, la capacidad y eficiencia de las macroalgas para captar nutrientes puede variar en función de su grado de complejidad estructural, relacionado negativamente con su relación superficie/volumen y tasa de crecimiento. Proponemos que las algas responden diferencialmente ante niveles contrastantes de surgencia, para lo cual las clasificamos en tres grupos funcionales (simples, complejas, incrustantes) aplicando criterios de complejidad estructural y relación superficie/volumen. Luego evaluamos la variación estacional (invierno 2004-invierno 2007) en riqueza, abundancia y composición de grupos funcionales algales (mediante ANDEVA de medidas repetidas, nMDS, ANOSIM y Simper) en cuatro localidades del Norte de Chile con niveles contrastantes de intensidad de surgencia. Las algas complejas presentaron mayor abundancia y riqueza en alta intensidad de surgencia y contribuyeron más a la disimilitud en la composición entre grupos funcionales, pero los grupos funcionales no mostraron una diferenciación espacial clara en función de este factor, y aparentemente son más influidos por la variación latitudinal. Discutimos la posible importancia de la herbivoría en términos de enmascarar el efecto de la surgencia, y el rol homogenizador de las corallinas incrustantes en reducir la variación intercomunitaria.

Agradecimientos: FONDECYT 1040425.

232. EFECTO DE LA ACRECIÓN DE ARENA SOBRE LA ESTRUCTURA COMUNITARIA DE LA MACROFAUNA ASOCIADA A MANTOS INTERMAREALES DEL BIVALVO *PERUMYTILUS PURPURATUS* EN LA INTERFASE ROCA-ARENA (Effect of sand deposition on the macrofaunal community structure of intertidal beds of *Perumytilus purpuratus* in the rocky-sand interface).

Sepúlveda, R. D. & Jaramillo, E.

Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile, Valdivia-Chile. Correo electrónico: rdsepulveda@gmail.com

La búsqueda de procesos tendientes a explicar la estructura de las comunidades de la macrofauna que habita la zona intermareal, ha sido un tema recurrente tanto en sistemas rocosos como en playas de arena. Sin embargo, la interacción recurrente entre ambos sistemas ha sido escasamente estudiada. En este estudio se analizan procesos recurrentes en la interfase roca-arena del intermareal y su efecto sobre la diversidad de la macrofauna asociada a los mantos del bivalvo *Perumytilus purpuratus*, considerado un bioingeniero ecosistémico. Durante un año, se muestreó mensualmente una playa arenosa del centro-sur de Chile (La Misión; ca. 39°S) y el litoral rocoso adyacente para evaluar el eventual efecto de la dinámica estacional de acreción/erosión de arena sobre la diversidad y estructura comunitaria de la macrofauna presente en sustratos biológicos. Los resultados mostraron que las estructuras de tallas corporales de *P. purpuratus* muestran valores más altos en zonas rocosas libres de acreción

estacional de arena (*i.e.*, principalmente en periodos donde la arena ha sido completamente erosionada), sin embargo, no hubo variación estacional. En la interfase, se encontraron valores significativamente mayores en el número de especies y en los índices de diversidad y uniformidad, y menores en los valores de dominancia. La composición y abundancia de especies permanecieron estables en el tiempo. Se concluye que las perturbaciones temporales de arena tienen un rol significativo en la estructuración comunitaria, produciendo un aumento de la diversidad en la interfase de la zona intermareal. Tal efecto sería dependiente de la distancia de un sitio determinado a la interfase roca-arena de esta zona. Estas conclusiones son la base para discutir sobre procesos tendientes a explicar la inestabilidad y predictabilidad ambiental en la interfase roca-arena del intermareal del centro-sur de Chile.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT N° 3100145 (R.D. Sepúlveda).

233. INFRACOMUNIDADES DE PARÁSITOS Y DIVERSIDAD GENÉTICA DE SUS HOSPEDADORES COMO ESTIMADORES DE CONECTIVIDAD DE PECES INTERMAREALES (Parasite infracommunities and genetic diversity as estimators of connectivity of intertidal fish).

González K.^{1,2}, Mansur L.^{1,2} & Ojeda F. P.²

¹ Doctorado en Ciencias Biológicas Mención Ecología, PUC.

² Departamento de Ecología. Facultad de Ciencias Biológicas, PUC.

La composición de las comunidades de parásitos refleja la ecología actual y la historia evolutiva de sus hospedadores, por lo cual, el uso de parásitos como indicadores de la biología de peces marinos ha adquirido importancia. A través de su presencia o abundancia diferencial se puede deducir la existencia de unidades poblacionales, rutas migratorias, así como el rango geográfico de sus hospedadores. Aún son escasos los estudios parasitológicos que dispongan de información adicional como microquímica en otolitos o análisis genéticos de sus hospedadores, lo cual tiene en conjunto, un mayor potencial informativo y ofrece la posibilidad de contrastar resultados. En Chile, poco se conoce acerca de la conectividad y diversidad genética de poblaciones de peces intermareales y de las variaciones de sus infracomunidades de parásitos en lugares geográficamente cercanos. Por esta razón, en este trabajo se analiza la estructura genética y se comparan los descriptores infracomunitarios de los parásitos de *Helcogrammoides chilensis* y *Girella leuifrons* provenientes de seis localidades de Chile central, ubicados entre los 33,5°S - 32,2°S. A partir de los resultados, se discute la relevancia de la complementariedad de distintas metodologías como indicador de la estructura genética y conectividad de las poblaciones de peces intermareales.

Agradecimientos: FONDAP Ecología 1501-0001 (CASEB) y FONDECYT 1100424.

234. REDUNDANCIA FUNCIONAL EN PECES MICROCARNÍVOROS INTERMAREALES: ¿UNA ESTRATEGIA ANTE LA VARIABILIDAD AMBIENTAL? (Functional redundancy in fish micro-carnivores intertidal: ¿A strategy to environmental variability?).

¹Molina, P.^{1,2,3}, Mansur, L.⁴ Espinoza, G. & ^{1,3}F. P., Ojeda

¹ Departamento de Ecología. Facultad de Ciencias Biológicas PUC.

² Doctorado en Ciencias Biológicas Mención Ecología, PUC.

³ Centro de Estudios Avanzado en Ecología y Biodiversidad. Pontificia Universidad Católica de Chile.

⁴ Departamento de Ecología. Facultad de Ciencias Biológicas PUC. CASEB-IEB.

Conocer los procesos que estructuran comunidades resulta fundamental para comprender cómo grupos de especies podrían responder ante un posible escenario de cambios físicos. En este sentido, se ha descrito que la variabilidad ambiental determinaría los patrones de distribución y abundancia de las comunidades intermareales. En este contexto, el gremio de peces micro-carnívoros intermareales de Chile central, resulta un buen modelo biológico para evaluar la hipótesis de aseguramiento (mayor riqueza de especies en el gremio, aumenta la probabilidad de responder a una perturbación) dado que presenta al menos dos especies (*Helcogrammoides sp.*) que han sido descritos como redundantes funcionalmente. Para probar esta hipótesis, entre los años 1997 y 2011, se generó un modelo de ecuaciones diferenciales ordinarias en base a la abundancia de los organismos en el gremio. A su vez se consideró la perturbación al SOI como un indicador de ENSO y como la función de regulación de la abundancia. Se discute la importancia ecológica y evolutiva de la redundancia funcional en este gremio y su relevancia como mecanismo estructurador de comunidades en función de eventos climáticos como ENSO y sus implicancias frente al cambio global.

Agradecimientos: FONDAP Ecología 1501-0001 (CASEB) y FONDECYT 1100424.

235. LOS MECANISMOS ESTABILIZADORES DE ECOSISTEMAS DE COSTAS ROCOSAS DEPENDEN DE LA HETEROGENEIDAD AMBIENTAL (Environmental heterogeneity affects mechanisms contributing to stability in rocky shore ecosystems).

Valdivia¹, N., Cerda² O., Gajardo² J. A., González² A. E., and Broitman² B. R.

¹ Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Universidad Austral de Chile, Campus Isla Teja s/n, Valdivia, Chile.

² Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Larrondo 1281, Coquimbo, Chile. nelsonavaldivia@gmail.com

Ecological theory predicts that biodiversity begets ecosystem stability; asynchronous temporal fluctuations of competing species maintain a constant level in ecosystem properties. However, the effect of environmental heterogeneity on the strength of stabilising mechanisms is still unclear. We tested the model that temporal fluctuations in species abundances are more asynchronous in heterogeneous than in homogeneous environments. Our model system was the north-central coast of Chile (~30°S), where the upwelling centre south of Punta Lengua de Vaca maintains more stable sea surface temperatures relative to northern areas. We explored the temporal variability in %-cover of sessile macrobenthic species in replicated 18-mo time series of intertidal hard-bottom communities. Results showed that species fluctuations were significantly more asynchronous at environmentally more variable

sites. The mean-variance scaling in species' abundances differed between regions, with a significantly larger slope, and thus individual species variability, at environmentally more variable sites. Community stability was higher at the heterogeneous sites. We suggest that the destabilising effects of increases in individual species variability can be counteracted by stabilising effects of asynchronous dynamics in natural communities facing environmental changes.

Agradecimientos: Fondecyt 1090488 y Fondecyt 3100014.

236. VERSATILIDAD DE UN HERBÍVORO ESPECIALISTA, EN EL USO DE SUS ALGAS HOSPEDERAS (Versatility of a specialized herbivore, in the use of its host algae).

Meynard, A. P., Faugeron, S.

Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Alameda 340.

Las especies son consideradas especialistas o generalistas en función del rango de recursos que utilizan. La versatilidad ecológica sintetiza el continuo especialista-generalista, y se caracteriza por el grado de explotación de los recursos importantes para la adecuación biológica, y por la disponibilidad de estos. Se evaluó la selectividad del herbívoro *Scurria scurra* en el uso de sus hospederos, las algas *Lessonia nigrescens* y *Durvillea antarctica*. Para ello se analizó en 8 localidades la prevalencia de *S.scurra* en función de la densidad relativa de sus hospederos, en Chile Centro-Sur. Además, se determinó si *S.scurra* ocupaba selectivamente o no sus algas-hospederos, en relación a sus distintos tamaños y estructuras. *S.scurra* mostró un uso selectivo de *L.nigrescens*, con una prevalencia siempre alta (0.7-1.0), y en cambio un uso oportunista de *D.antartica* (prevalencia de 0.3 a 0.8, correlacionada con la densidad relativa de *D.antartica*). La abundancia de *S.scurra* por hospedero y de categorías etarias presentes se correlacionó mejor con una mayor complejidad estructural (más que con mayor volumen) en *L.nigrescens* que en *D.antartica*, evidenciando respectivamente un patrón selectivo y oportunista de ocupación. Esto sugiere que *S.scurra* está más especializado en el uso de sus hospederos como hábitat (complejidad estructural) que en el consumo directo de sus tejidos.

Patrocinio: CONICYT AT-24091068.

237. EFECTOS DE LA ENDOGAMIA EN UN ALGA HAPLOIDE-DIPLOIDE: *GRACILARIA CHILENSIS* (Effects of inbreeding in a haploid-diploid alga: *Gracilaria chilensis*).

Contreras, K. y Guillemín M-L.

Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Casilla 567, Valdivia, Chile.

En organismos con un ciclo de vida haploide-diploide existe una purga de mutaciones potencialmente muy efectiva durante el desarrollo de la fase haploide lo que podría reducir el efecto de la endogamia en estos organismos. Para evaluar los efectos de la endogamia y de la exogamia en *G. chilensis*, se realizó tipos de cruzamientos usando 5 familias de hembras provenientes de la localidad de Tubul: (1) Endogámico, con machos hermanos que provienen del mismo tetraesporofito (2) Intrapoblacional, con machos no emparentados proveniente de Tubul, y (3) Exogámico, con machos proveniente de la localidad de Maullín. Para cada familia, se estudiaron cuatro hembras vírgenes que se cortaron en trozos de siete centímetros (tres réplicas por tipo de cruzamiento). Para cada hembra se midió el número de cistocarpos fértiles, el número de carposporas producidas y sus porcentaje de germinación y sobrevivencia. Nuestros resultados sugieren un efecto negativo de los cruzamientos endogámicos y exogámicos en relación a los cruzamientos intrapoblacional no emparentado. No se detectó un efecto significativo del tipo de cruzamiento por sí solo, pero sí un efecto cruzado con el factor familia lo que sugiere una fuerte influencia de la carga genética de las hembras sobre los potenciales efectos de los tipos de cruzamiento.

Financiamiento: Fondecyt 1090360.

238. VIDA EN GRUPO EN ALGAS: SELECCIÓN POR PARENTESCO EN *LESSONIA NIGRESCENS* (Group living in algae: kin selection in *Lessonia nigrescens*).

Casares, F. A. & Faugeron, S.

Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Alameda 340, Santiago.

La formación de quimeras (entidades genéticamente heterogéneas originadas a través de la fusión de conoespecíficos) es un fenómeno común, observado en diversos grupos filogenéticamente distantes, que desafía el concepto de individuo. La presencia de unidades genéticamente distintas en un mismo organismo puede llevar a varios tipos de interacción entre estas unidades, que se reflejan en costos y beneficios en los distintos niveles de organización involucrados, el genotipo y el organismo quimérico. Para determinar las ventajas adaptativas de este modo de vida, hemos evaluado el balance entre costos y beneficios de la fusión, en analogía a la vida en grupos sociales de los animales, en función de atributos del organismo (tamaño y composición). Este trabajo se realizó en el alga parda *Lessonia nigrescens*, la cual presenta fusiones entre individuos para formar organismos quiméricos. Específicamente quisimos responder las siguientes preguntas: ¿Cuál es el parentesco de los genotipos que comparten un mismo organismo? ¿Cuál es el efecto del número de genotipos diferentes en el éxito reproductivo individual y del organismo? ¿Cuál es el efecto del parentesco en el éxito reproductivo individual y del organismo? Estos resultados permiten investigar como la selección por parentesco puede afectar distintos niveles de organización biológica en organismos distintos a animales.

Patrocinio: FONDECYT 1090742.

239. “HUIROS Y COCHAYUYO”: PROBLEMAS DE IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES Y RELEVANCIA PARA UN MANEJO SUSTENTABLE DE LAS MACROALGAS EN CHILE (“Huiros and Cochayuyo”: species identification problems and importance for a sustainable management of macroalgae in Chile).

Macaya, E., Tellier, F., Vega, A., Fraser, C.

Universidad de Concepción/Departamento de Oceanografía/Concepción.

Universidad Católica del Norte-CEAZA/Coquimbo.

Université Libre de Bruxelles/Bruselas/Bélgica.

Conocer la historia evolutiva y la estructura genética de especies con importancia económica es crucial para un manejo sustentable de los recursos, particularmente cuando se detectan evidentes señales de sobreexplotación. Se consideran cuatro macroalgas pardas altamente cosechadas en Chile (53% del desembarque de algas): *Durvillaea antarctica* (cochayuyo), *Macrocystis pyrifera* (huir o sargazo), *Lessonia nigrescens* (huir negro o chascón) y *L. trabeculata* (huir palo). A través de estas taxa, se muestran problemas contrastantes en la identificación de las especies y la determinación de su rango geográfico. Mientras especies crípticas han sido identificadas en *D. antarctica* y en *L. nigrescens*, el caso de *M. pyrifera* fue opuesto: utilizando la técnica de “ADN barcoding” se determinó juntar las especies presentes en Chile (*M. pyrifera*, *M. integrifolia* y *M. laevis*) bajo un solo nombre (*M. pyrifera*). Para *L. trabeculata*, no hay evidencia de problemas similares. Presentaremos una síntesis de las recientes investigaciones desarrolladas en estas taxa, incorporando aspectos evolutivos y ecológicos relacionados con los procesos de especiación. Destacaremos la alta importancia de considerar esta información al momento de realizar cultivos y repoblación, así como para llevar un manejo sustentable de estos recursos naturales y permitir su conservación.

240. MAZZAELLA LAMINARIOIDES SPP.: TRES ESPECIES CRIPTICAS CON HISTORIAS DEMOGRÁFICAS DISTINTAS EN CHILE (*Mazzaella laminarioides* spp.: three cryptic species with distinct demographic history in Chile).

¹Montecinos, A., ²Haye, P. ³Faugeron, S. ^{2,3}Broitman, B. ²Tellier, F. ¹Guillemin, M-L.

¹ Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución, Universidad Austral de Chile, Campus Isla Teja, Valdivia, Chile.

² Facultad de Ciencias del Mar & CEAZA, Universidad Católica del Norte, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile.

³ Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile, Alameda 340, Santiago, Chile.

En Chile la presencia de barreras biogeográficas se han asociado a la presencia de especies crípticas, especialmente en el caso de organismos marinos con baja capacidad de migración. Nosotros realizamos un estudio filogenético y filogeográfico de *M. laminarioides*, un alga roja que no posee estructuras flotantes y que habita el intermareal rocoso superior. Usamos muestras de 18 localidades, que cubren prácticamente todo el rango de distribución de esta especie (29°S-56°S). Los resultados de los dos marcadores moleculares secuenciados: COI (mitocondria, 352 secuencias) y *rbcL* (cloroplasto, 233 secuencias), fueron congruentes entre sí, revelando la presencia de un potencial complejo de tres especies crípticas dentro de *M. laminarioides*, geográficamente separadas por dos zonas de transición. La divergencia entre ellos se estimó en unos +/- 3.000.000 de años atrás. Además, la reducción de la diversidad genética en las poblaciones del sur, apoya la hipótesis de un posible cuello de botella debido al Último Máximo Glacial y una recolonización postglacial. La ubicación de los refugios glaciares así como las rutas de recolonización serán discutidas.

241. USO DE MARCADORES MOLECULARES EN LA DETERMINACIÓN DE LA RAZÓN DE PLOIDÍA Y DE SEXO EN UN ALGA CON CICLO DE VIDA HAPLOIDE-DIPLOIDE (Determination of the ploidy and sex ratio using specific molecular markers in a haploid-diploid algae).

Huanel, O.; Guzmán, G.; y Guillemin, M-L.

Instituto de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Casilla 567, Valdivia, Chile.

Gracilaria chilensis, es un alga roja que presenta un típico ciclo de vida haploide-diploide isomórfico dioico en el cual la fase o el sexo de los individuos no maduros no se puede determinar usando caracteres morfológicos. Usando dos marcadores moleculares ligados al sexo recientemente desarrollados en esta especie, se determinó la razón de ploidía y sexo en la totalidad de los individuos recolectados durante más de un año de muestreo (total de individuos estudiados: 4188), en dos poblaciones naturales de *G. chilensis*. Nuestro estudio muestra que existe (1) un importante sesgo en las estimaciones de la razón de ploidía y de sexo, principalmente durante los periodos de inviernos para los cuales solo una proporción menor de las poblaciones presentan estructuras reproductivas; (2) una razón de sexo de 1:1 en ambas poblaciones y (3) ningún patrón de alternancia estacional de las dos fases en las poblaciones naturales de Niebla y Corral. Si bien la razón de fase parece mantenerse constante en el tiempo, existe en general un exceso de haploides en Niebla que no fue observado en Corral donde se observó una proporción igual de diploides y de haploides.

242. COSTOS REPRODUCTIVOS EN GAMETOFITOS HEMBRAS DEL ALGA ROJA GRACILARIA CHILENSIS (Reproductive cost of female gametophytes in a red alga: *Gracilaria chilensis*).

Guillemin, M-L. y Valenzuela, P.

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

Los organismos pueden adquirir una cantidad limitada de recursos desde el ambiente destinándola a diferentes funciones que compiten entre sí y una mayor inversión en la reproducción es generalmente asociada a una menor supervivencia y/o un menor crecimiento vegetativo en plantas. Hemos estimado los costos directos de reproducción en gametofitos hembras de *G. chilensis* estudiando dos poblaciones de la región de Concepción: Dichato, caracterizada por mantenerse principalmente vía reproducción sexual y Lenga, un cultivo basado en el trasplante de talos vegetativos. No se encontró ninguna correlación negativa significativa entre rasgos asociados al crecimiento vegetativo y a la reproducción. Al contrario, en Dichato se observó una correlación positiva entre el tamaño de las ramas primarias y el número de cistocarpos, lo que se relacionó con una mayor probabilidad de desarrollar meristemas reproductivos a lo largo del talo en individuos de mayor tamaño. Del otro lado, los individuos de Dichato presentaron un menor tamaño y una mayor inversión reproductiva que los talos cultivados vía reproducción vegetativa de Lenga. Estos resultados sugieren un posible costo directo de la reproducción, ya que la mayor inversión en la producción de cistocarpos en Dichato podría influir negativamente en el crecimiento de talos de las hembras en *G. chilensis*.

Financiamiento: Fondecyt 1090360.

243. TOLERANCIA DIFERENCIAL A LA DESECACIÓN COMO FACTOR DETERMINANTE EN LA DISTRIBUCIÓN LATITUDINAL DE DOS ESPECIES CRÍPTICAS DE *LESSONIA NIGRESCENS* (PHAEOPHYCEAE) (Contrasted tolerance to desiccation stress as a driving factor in the latitudinal distribution of two cryptic *Lessonia nigrescens* (Phaeophyceae) species).

López-Cristoffanini, C.^{1, 2}, Tellier, F.³, Correa, J. A.², Contreras-Porcía, L.^{1, 2}

¹ Departamento de Ecología y Biodiversidad, UNAB, Santiago-Chile.

² Departamento de Ecología, CASEB-PUC, Santiago-Chile.

³ Facultad de Ciencias del Mar-CEAZA, UCN, Coquimbo-Chile.

Las diferencias en el grado de tolerancia a la desecación han sido consideradas como factores determinantes en la distribución de algas en la zona intermareal rocosa, pero no como factor en su distribución geográfica. La costa chilena se caracteriza por un gradiente climático latitudinal que podría afectar la intensidad de la desecación. Dos especies crípticas de *Lessonia nigrescens* la habitan: la especie Norte entre los 16 y 30° latitud sur y la especie Sur entre los 29 y 41°. En este contexto, se hipotetiza que la contrastante distribución geográfica se debe fundamentalmente a diferencias en el grado de tolerancia a la desecación entre ambas especies. En el estudio, se consideraron dos poblaciones por especie para distinguir entre diferencias inter e intraespecíficas. Como respuestas de tolerancia, se evaluó tanto el desarrollo temprano del ciclo de vida como la activación de enzimas antioxidantes (ascorbato peroxidasa y catalasa) bajo cuatro condiciones de cultivo: control y desecación diaria (0,5, 1 y 2h). Se observó que la especie Norte fue más tolerante tanto a nivel del desarrollo temprano como a nivel de la actividad en ambas enzimas antioxidantes. Esto sugiere que la respuesta de la tolerancia al estrés generado por desecación es un factor especie-específico y subyace a la distribución geográfica de estas dos especies de *Lessonia*.

FONDECYT 11085019 y 3110051, FONDAP 1501-0001 PROGRAMA 7 & ICA.

244. VARIABILIDAD REPRODUCTIVA EN DOS POBLACIONES DE *PETROLISTHES VIOLACEUS* (Reproductive variability in two populations of *Petrolisthes violaceus*).

Gamero, P. y Romero, L.
CEAMS-UNMSM Lima, Perú.
CEAZA-UCN.

Los cangrejos porcelánidos son abundantes en las costas del Perú, pero existen escasos estudios documentando historias de vida y como los factores ambientales afectan estos rasgos. Presentamos información sobre la biología reproductiva de la especie *Petrolisthes violaceus*, la cual habita zonas intermareales en playas de bolones. A fin de identificar efectos ambientales en rasgos reproductivos de la población, el estudio se realizó en dos lugares con distinta exposición al oleaje en bahía Ancón, Perú (11° 46'). Entre septiembre 2001 a septiembre 2002, se recolectaron mensualmente ~80 hembras en cada lugar. La presencia constante de más del 50% de hembras ovígeras, lo que sugiere que esta especie presenta periodos de reproducción continua. La moda de la talla de primera madurez sexual en la zona semiexpuesta fue 10 mm, mientras que en la playa protegida fue 13 mm. La fecundidad (número de huevos en estadio I por hembra) fue mayor en la zona protegida

($\bar{x}=720,17 \pm EE=442,72$) que en la zona semi-expuesta ($\bar{x}=444,3 \pm EE=365,57$). En ambos lugares observamos una alta variabilidad en el número de huevos por hembra. De esta forma, diferencias en los rasgos reproductivos entre sitios podrían estar determinadas por la diferencia en la exposición al oleaje entre ambas poblaciones, factor potencialmente asociado a la captación de oxígeno de las hembras y/o sus masas de huevos.

Patrocinio: Prof. Bernardo Broitman.

245. LA AGREGACIÓN COMO ESTRATEGIA DE CONTROL DE LA DESECACIÓN EN *ECHINOLITTORINA PERUVIANA* (The aggregation as strategy of desiccation control in *Echinolittorina peruviana*).

Castillo, S., Rojas, J. M., Escobar, J., Bozinovic, F.
Departamento Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile.

La desecación durante períodos de marea baja es reconocida como un factor restrictivo para la actividad de los organismos que habitan el intermareal rocoso. Como respuesta, la agregación de individuos es sugerida como estrategia empleada para conservación de agua por gastrópodos, lo que podría resultar en un aumento del tiempo disponible para alguna actividad, no obstante la evidencia disponible es indirecta. Para probar esta hipótesis, en laboratorio, individuos de *Echinolittorina peruviana* fueron expuestos a distintos niveles de humedad ambiental (HA) (30–90%), a una temperatura constante (30°C), en estado de agregación y solitarios, bajo dos niveles de heterogeneidad espacial. En cada individuo se registró el tiempo que mantuvo abierto el opérculo como descriptor de actividad, la variación de masa corporal entre el inicio y final del estudio y temperatura corporal como descriptores de riesgo de desecación. Los resultados indican que individuos agregados mantienen el tiempo de potencial actividad con el descenso de HA, no así individuos solitarios, donde la variable respuesta decrece significativamente con HA. Además, considerando variaciones de masa, los individuos solitarios tienden a tener mayor variación que los agrupados. Así, nuestros resultados sugieren a la agregación como una respuesta a condiciones de desecación que permitiría a los organismos disponer de un mayor tiempo para el desarrollo de actividades.

FONDAP 1501-0001.

246. EFECTO DEL FLUJO DE AGUA SOBRE USO DE HÁBITAT NATURAL POR ANEMONIA ALICEMARTINAE (Effect of water flow on natural habitat use by *Anemonia alicemartinae*).

Henríquez C.¹, Manquilef J. P. & Neill P. E.¹

¹LEIM, Depto. Ecología, Fac. Ciencias, UCSC, Casilla 297, Concepción, Chile.

La anémona criptogénica en la costa de Chile, *Anemonia alicemartinae*, ha presentado una rápida expansión en dirección sur. Individuos utilizan diversos sustratos, tanto naturales (e.g. rocas, algas) y artificiales (e.g. muelles, bolsas plásticas) en las zonas inter y submareal. Se plantea que las condiciones de flujo de agua afectan el uso de sustratos. Se realizaron mediciones en terreno, categorizando sitios como protegido o expuesto y cuantificando el uso de sustratos estables e inestables. En laboratorio, se evaluó el uso de sustrato en anémonas bajo distintos flujos de agua. En terreno, no había asociación entre el flujo de agua y el uso de sustratos, siendo mayor el número de individuos en sustratos inestables cuando se encuentran en zonas expuestas y mayor en sustratos estables en zonas protegidas. En laboratorio se encontró una interacción significativa entre los tipos de sustratos y el flujo. En condiciones simulando flujo bajo, el número de individuos en sustratos inestables fue significativamente mayor, mientras que bajo condiciones de flujo débil no existían diferencias significativas en el número de individuos entre tipos de sustrato. Se sugiere que bajo condiciones de alto flujo de agua los sustratos inestables, como algas, permitirían mayores oportunidades de adhesión de *A. alicemartinae* dado su extensión vertical del sustrato.

247. ALTA FIDELIDAD AL HÁBITAT DE PECES INTERMAREALES DE LA COSTA DE CHILE CENTRAL (High site fidelity of intertidal fishes of the central coast of Chile).

Espinoza, C. V. y Ojeda F. P.

Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad (CASEB) Departamento de Ecología. Pontificia Universidad Católica de Chile.

Las áreas marinas costeras han sido reconocidas como importantes zonas de crianza para peces, ya que ofrecen condiciones favorables para su desarrollo tales como alta disponibilidad de recursos y protección frente a depredadores. Se ha observado que diversas especies de peces presentan fidelidad a su hábitat, lo que favorece su desarrollo en la etapa juvenil y les permitiría alcanzar el estado reproductivo. El objetivo de este trabajo es determinar qué especie de pez presente en la zona intermareal rocosa de Chile central presenta una mayor fidelidad a su hábitat. Para esto se muestrearon diez pozas intermareales ubicadas en la costa de Chile central. Estas fueron muestreadas cada mes desde enero de 1997 a junio de 2011. Se extrajeron todos los peces presentes en estas, una proporción fue marcada y se monitoreó su presencia, todos los peces fueron regresados a cada poza. *Scartichthys viridis* es la especie que presentó mayor porcentaje de recaptura y durante un período más prolongado, seguida por *Girella laevis* y *Graus nigra*, las demás especies que habitan en pozas presentaron un porcentaje de recaptura inferior al 30%. Se concluye que *G. laevis* y *G. nigra* utilizarían este hábitat como zona de crianza.

Agradecimientos: FONDAP Ecología 1501-0001 (CASEB) y FONDECYT 1100424.

248. DISTRIBUCIÓN COSTERA DE PHYLLOSOMAS DE LAS DOS ÚNICAS ESPECIES DE LANGOSTAS PRESENTES EN LA ISLA ROBINSON CRUSOE Y ENDÉMICAS DEL ARCHIPIÉLAGO DE JUAN FERNÁNDEZ (Near-shore distribution of phyllosomas of the two only lobster species present in Robinson Crusoe Island and endemic to the Juan Fernández archipelago).

Magnolfi, S.¹; Guerra, J.¹; Palma, R. E.¹; Palma, A. T.¹

¹Departamento de Ecología, Universidad Católica de Chile y CASEB.

En el archipiélago de Juan Fernández coexisten dos especies de langostas, *Jasus frontalis* y *Acantharctus delfini*. Estas atraviesan por un prolongado período larval, lo que no debiese conducir a un reclutamiento local, sin embargo, estas especies son endémicas. Desconocemos cómo el abastecimiento local permite tal patrón de distribución. Los objetivos de este estudio son: 1) caracterizar la distribución y abundancia de las larvas de estas especies alrededor de Robinson Crusoe mediante muestreos de plancton y registros hidrográficos, y 2) mediante el uso de genética molecular, confirmamos un criterio taxonómico simple para distinguir las larvas de ambas especies. Hipotetizamos que los patrones de distribución espacial y temporal de las larvas están asociados con su retención alrededor del archipiélago. La abundancia de ambas especies fue mayor en los sitios del lado norte de la isla y por lo general asociadas con aguas cálidas y saladas observadas durante los meses cálidos. Las phyllosomas de ambas especies fueron más abundantes de noche en las capas superiores de la columna de agua, lo que sugiere un comportamiento de migración vertical que puede relacionarse con un mecanismo de retención larval. Estos resultados representan un esfuerzo pionero para entender los mecanismos asociados con el endemismo y aislamiento extremo de las dos especies estudiadas.

FONDECYT: 1080009, 1100558.

249. LA INVERSIÓN REPRODUCTIVA DE *LESSONIA NIGRESCENS* SE VE DISMINUIDA EN ZONAS CON SURGENCIA (*Lessonia nigrescens*'s reproductive investment is reduced in upwelling zones).

Rengifo, F., Tellier, F., Faugeron, S.
Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Alameda 340, Santiago.

La surgencia costera induce un aumento en la productividad primaria, en particular en el fitoplancton. El efecto en organismos sésiles (macroalgas) no es tan evidente, ya que el aumento en productividad primaria puede destinarse a aumentar sus estructuras vegetativas o reproductivas, y está muy poco abordado en la literatura. Evaluamos parámetros morfológicos (tamaño), reproductivos (fertilidad) y demográficos (densidad de individuos totales y reproductivos) para investigar el posible efecto de la surgencia costera sobre macroalgas. Esto se investigó en *Lessonia nigrescens* que ya presentó diferencias en estos parámetros evaluados entre especies crípticas del norte y sur. El análisis de 392 individuos provenientes de 7 sitios evidenció una ausencia de diferencias significativas en el tamaño de las estructuras vegetativas entre sitios con surgencia costera versus sin ella. Tampoco se encontraron diferencias significativas para parámetros poblacionales (densidad, estructura etaria). Sin embargo, individuos en zonas sin surgencia presentaron una inversión reproductiva (tamaño de soro) mayor a aquellos de zonas con surgencia. Adicionalmente, la varianza en el área total de tejido reproductivo por individuo fue mayor en zona de surgencia. La menor y más heterogénea inversión reproductiva bajo influencia de la surgencia costera parece sin embargo asegurar un éxito reproductivo suficiente para mantener la densidad y estructura demográfica, la que no varía significativamente entre sitios.

Patrocinio: FONDECYT 1090742.

250. DESCARGA DE AGUAS ÁCIDAS ALTERA EL EXPONENTE DE ESCALAMIENTO ALOMÉTRICO EN EL CONTENIDO DE CARBONATO DE CONCHAS DE MITILIDOS INTERMAREALES (Discharges of acidic water alters the allometric scaling exponent in carbonate content of intertidal mussel shells).

Lagos, N. A.¹, Labra, F.¹, Ramajo, L.¹, Vargas C. R.², Torres R.³, Manríquez P.⁴, Lardies M.⁵, Navarro, J.⁴

¹ Lab. de Ecología y Cambio Climático, Fac. Ciencias, UST.

² Centro EULA, UdeC.

³ CIEP, UACH, ⁴ Instituto de Biología Marina, UACH; Depto. Ciencias y Fac. Ingeniería, UAI.

El diseño de los organismos no es solo materia de biología molecular sino también geometría y físico-química. En este estudio evaluamos la relación de escalamiento entre tamaño corporal y contenido de carbonato de calcio (CaCO₃ medido como peso boyante) del mitilido intermareal *Perumytilus purpuratus* en poblaciones del norte, centro y sur de Chile. La relación se expresa como una ley de potencia de la forma $W=M^b$; donde W=contenido de CaCO₃ (mg), M=tamaño corporal (mm), con un exponente de escalamiento, $b=2.85$ ($r^2=0.95$, $n=141$, $p<0.0001$). Sin embargo, aunque sutiles, existen diferencias significativas entre poblaciones en el valor del exponente b (ANCOVA, Sitio ~ M, DF=4, MS=0.032, F=8.47, $p<0.0001$). Para evaluar si esta variación en contenido de CaCO₃ de la conchas de mitilidos es inducida por el ambiente, se desarrolló un experimento de trasplantes cruzados que indicó que

los cambios en la tasa de depositación de CaCO₃ en la conchas de mitilidos responde a variaciones en la acidificación de océano costero del ambiente local.

Agradecimientos: Proyecto Fondecyt 1090624 - ANILLO ACT-132.

251. RELACIÓN TAMAÑO CORPORAL Y RANGO DE DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICO DE COLEÓPTEROS EN CHILE (Body size and geographic range size relationship of beetles in Chile).

Muñoz-Escobar, C.^{1, 3}, Morales-Pallero, B.², Hernández, C. E.³ & Jerez, V.³

¹ Programa de Doctorado en Sistemática y Biodiversidad.

² Programa de Magíster en Bioestadística, Universidad de Valparaíso.

³ Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Chile. chmunoz@udec.cl

Coleoptera es el grupo de animales más diversificado y presenta una gran variedad de formas y tamaños corporales, estos se correlacionan con determinados componentes de historia de vida e interacciones interespecíficas, que condicionan sus patrones de distribución. En Chile existen más de 4.300 especies, siendo Staphylinidae, Tenebrionidae, Curculionidae y Carabidae las familias más diversas. Tradicionalmente se ha propuesto como hipótesis la existencia de una relación positiva, entre el tamaño corporal y el rango de distribución, donde especies de mayor tamaño solo tienden a poseer amplios rangos de distribución, mientras que aquellas de menor tamaño poseen tanto pequeño como un amplio rango de distribución. Este trabajo evalúa dicha hipótesis, al crear una base de datos ocurrencia y tamaño corporal de 1.000 especies de coleópteros entre los 18 y 55°S. Para ello, se utilizaron modelos lineales, a través de una regresión de mínimos cuadrados y regresión de cuantiles. El análisis evidencia una relación negativa y significativa en los cuantiles superiores ($\tau = 0.98$ y 0.99), indicando así una restricción evolutiva. Se discute cómo grupos hiperdiversos presentan este patrón y cómo especies de menor tamaño ocurren en más sitios.

252. PATRONES DE DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE LA RIQUEZA DE ESPECIES DE ROEDORES DE LA TRIBU ORYZOMYINI (RODENTIA: SIGMODONTINAE) EN SUDAMÉRICA: EVALUANDO LA IMPORTANCIA DE LOS PROCESOS DE COLONIZACIÓN-EXTINCIÓN (Geographic patterns of richness distribution of rodents species from the Oryzomyini tribe (Rodentia:Sigmodontinae) in South America: evaluating the importance of colonization-extinction processes).

Valencia-Pacheco, E.¹, Avaria-Llautureo J.¹, Muñoz-Escobar C.¹, Boric-Bargetto D.¹ & Hernández C. E.^{1*}

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

La tribu Oryzomyini, constituida por 83 especies endémicas de Sudamérica, posee una mayor riqueza en la Amazonia con una disminución monotónica hacia el sur y norte de Sudamérica. Sin embargo, se desconocen los mecanismos que dan cuenta de este gradiente latitudinal en su riqueza. Basados en los procesos de colonización histórica descritos para la Tribu, nosotros evaluamos la hipótesis fuente-sumidero mediada por procesos de colonización y extinción, como potencial explicación al patrón observado. Con este fin, utilizamos análisis de anidamiento, cuyos resultados evidenciaron un grado de anidamiento significativo en la distribución general de Oryzomyini, y separadamente en filas y columnas de la matriz. Esto soporta que la dinámica fuente-sumidero jugó un rol importante en determinar la distribución actual de la riqueza en este grupo. Durante la colonización hacia mayores latitudes aquellas especies con menores rangos de tolerancia tuvieron una mayor tasa de extinción, determinando un menor número de especies hacia el sur y norte de la Amazonia.

Patrocinio: Hernández C. E.

Fondecyt-11080110, Escuela de Graduados UDEC, beca CONICYT.

253. SELECCIÓN DE HÁBITAT DE DROMICIOPS GLIROIDES EN BOSQUES TEMPLADOS DEL NORTE DE LA ISLA DE CHILOÉ, CHILE (Habitat selection of *Dromiciops gliroides* in temperate rainforest of northern Chiloé Island, Chile).

Valdés-Barrera, A.^{1,2}; Célis-Diez, J. L.^{1,3} & Piazzon, M.⁴

¹ IEB, Chile.

² Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

³ CASEB, Pontificia Universidad Católica de Chile.

⁴ IMEDEA, España.

Dromiciops gliroides es un marsupial arborícola endémico de los bosques templados de Sudamérica Austral. Su dieta omnívora incluye una alta proporción de frutos, por lo que es considerado un importante dispersor de epífitas y árboles del dosel. Se han registrado densidades poblacionales similares en bosques antiguos y con tala selectiva, por lo que identificar las preferencias de microhábitat resulta crucial para definir los planes de manejo del bosque. En un fragmento de bosque antiguo y uno con tala selectiva, se dispuso una red de trampas. Alrededor de cada trampa se evaluó la estructura de la vegetación y la disponibilidad de frutos. El número de capturas por trampa, se comparó con las variables de microhábitat a través de un GLM. En ambos fragmentos, la abundancia de *D.gliroides* se relacionó significativamente con las estructura vegetacional. En el bosque

antiguo se registró una asociación positiva con la cobertura de quila, y en el con tala selectiva una asociación positiva con la cobertura del dosel y del detrito leñoso. Se sugiere que la asociación con estas variables del microhábitat tiene relación con la mayor densidad de invertebrados, recurso alimentario, y el refugio ante depredadores.

Agradecimientos: Fundación BBVA, CONICYT AT-24050068.

254. DISTRIBUCIÓN POTENCIAL DEL GUANACO EN CHILE MODELADO POR MAXENT (Potencial guanaco distribution in Chile modelled by Maxent).

González, B. A.¹, Samaniego, H.^{2,3}, Estades, C.¹

¹ Universidad de Chile, Universidad Austral.

³ Los Alamos National Laboratory.

El desarrollo de modelos predictivos de distribución permite relacionar factores bióticos y abióticos con la presencia y/o ausencia de una especie a una escala geográfica. El guanaco (*Lama guanicoe*) es un camélido nativo del cual se desconocen las variables ambientales que explicarían su distribución en Chile. Los objetivos son predecir su rango de distribución potencial e identificar las variables ambientales que modelan su nicho. Usando 2.970 localizaciones de esta especie acumulados en los últimos 11 años se determinó su ocurrencia probable con el modelo de Máxima Entropía (Maxent). Se utilizó temperatura (t°) media anual, estacionalidad de la t°, media de t° máxima, media de t° mínima, precipitación anual, estacionalidad de las precipitaciones, rugosidad, orientación, pendiente y altitud, EVI, coberturas de hierbas, arbustos y árboles y número de habitantes/km² como variables predictoras. La información fue escalada a 3x3 km. El AUC promedio para 20 validaciones cruzadas fue de 0,942. La precipitación anual tuvo el porcentaje de contribución relativa más alta al modelo (32,6%) y en el test de permutación (68,1%), y la mayor ganancia y pérdida cuando es usado sola o se encuentra ausente en el modelo, respectivamente. La mayor probabilidad de presencia (>0,5) ocurre entre los 10 y 600 mm anuales aprox. Esto confirma al guanaco como animal de ambientes xéricos en Chile.

Beca doctorado CONICYT.

255. VARIACIÓN GEOGRÁFICA DEL EFECTO DE LA ACIDIFICACIÓN DEL OCEANO SOBRE LA FISIOLÓGIA DE INVERTEBRADOS MARINOS: INCUBACIÓN EN MESOCOSMOS (Geographic variation on effect of ocean acidification on marine invertebrates physiology: a mesocosm approach).

^{1,2}Lardies, M. A., ¹Arias, M. B., ³Lagos, N. A., ²Poupin, M. J., ⁴Manríquez, P. R., ⁴Navarro, J. M., ⁵Torres, R.

¹ Facultad de Artes Liberales.

² Facultad de Ingeniería y Ciencias, Universidad Adolfo Ibáñez.

³ Facultad de Ciencias-UST.

⁴ Instituto Biología Marina-UACH.

⁵ CIEP-UACH.

El actual aumento de CO₂ en la atmósfera causará un correspondiente aumento en la acidificación del océano (AO) al bajar el pH en 0.2-0.5 unidades hacia el final del siglo 21. Este efecto induciría respuestas diferenciales en el desarrollo, morfología, fisiología, comportamiento en los bivalvos *Perumytilus purpuratus*, *Mytilus chilensis* y el gastrópodo *Concholepas concholepas*, especies de relevancia ecológica y económica en Chile. Utilizando un mesocosmo bajo condiciones naturales y en escenarios de cambio climático de AO caracterizamos la variabilidad intra-inter poblacional en medidas ecofisiológicas integrales como metabolismo y respuestas al estrés (*HSP70*) de nuestras especies modelos. Encontramos una interacción significativa entre localidad y nivel AO sobre el metabolismo y expresión de *HSP70* siguiendo un patrón latitudinal a lo largo de Chile, sin embargo, su magnitud varía entre las distintas especies y las respuestas no son lineales entre los estadios estudiados. El incremento de la AO impactará todas las poblaciones de las especies estudiadas, no obstante, el efecto será mayor en algunas poblaciones indicando que existen diferencias en plasticidad en la respuesta tanto a nivel geográfico como a nivel ontogénico.

Agradecimientos: FONDECYT 1090624, ANILLO ACT-132.

256. EFECTOS DEL CAMBIO CLIMÁTICO SOBRE POBLACIONES DE PINGÜINOS DEL GÉNERO PYGOSCELIS: UNA APROXIMACIÓN MOLECULAR (Climate change effect over penguins of *Pygoscelis* genus: a molecular approach).

Peña F.¹, A. Vianna J.² & Poulin E.¹

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Universidad Católica.

El clima se ha descrito como el principal factor que ha afectado los patrones de evolución en especies de pingüinos tanto vivos como extintos, encontrándose que episodios pasados de cambio climático han afectado la distribución de sus colonias. Diversos estudios señalan el efecto del cambio climático actual, sobre las tasas de mortalidad de los huevos y distribución de especies del género *Pygoscelis*. Este estudio propone determinar cómo se ha visto afectada la diversidad genética de poblaciones de *P. adeliae* y *P. papua*, debido a los eventos de cambio climático pasados. Se secuenció la región hipervariable del ADN mitocondrial de 30 pingüinos de cada una de las especies, se construyó la red de haplotipos, calcularon los tamaños efectivos y se buscó la señal de cambios poblacionales pasados a través de análisis de inferencia demográfica. A pesar de mostrar una disminución rápida de sus poblaciones en la Península antártica, nuestros primeros resultados

muestran que *P. adeliae* presenta una alta diversidad genética, reflejando la existencia de grandes poblaciones en el pasado. Además, se detectó una señal de una expansión poblacional después del Último Máximo Glacial.

Agradecimientos: Instituto Antártico Chileno (INACH), Instituto Ecología y Biodiversidad (IEB).

257. ESTUDIO DEL EFECTO DEL COBRE SOBRE LA FRACCIÓN PICOFITOPLANCTÓNICA DE LA BAHÍA DE CHAÑARAL (Study of the effect of copper on the picophytoplanktonic fraction at the Caññaral Bay).

Henríquez, C.^{1*}, Rodríguez, S.¹, Canedo, G.¹, Egas, C.¹, Andrade, S.^{2,3} & De la Iglesia, R.^{1,3}

¹ Laboratorio de Microbiología Marina. Departamento de Genética Molecular y Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas.

² Departamento de Ecología. Facultad de Ciencias Biológicas.

³ Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity. Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago. Chile.

El océano cubre un 70% del planeta y es el lugar donde ocurren gran parte de los procesos biogeoquímicos. En él, los microorganismos fotosintéticos juegan un rol fundamental. La fracción picoplanctónica de estos organismos (3-0,2 μm de diámetro) está compuesta tanto por cianobacterias de los géneros *Synechococcus* y *Prochlorococcus* como por eucariontes fotosintéticos, denominados piceo-eucariontes (PPEs). Su bioquímica depende de manera estricta de la presencia de metales traza necesarios para procesos celulares que van desde la regulación génica hasta la fotosíntesis. Sin embargo, un desbalance en su concentración tiene efectos tóxicos para la célula. En este trabajo se estudió el efecto del cobre sobre la composición picofitoplanctónica, en aguas costeras con altas concentraciones de metal. La fracción picofitoplanctónica bacteriana está dominada por la picocianobacteria *Synechococcus* mientras que la fracción eucarionte se encuentra dominada principalmente por representantes del grupo de las haptófitas. Los resultados preliminares indican diferencias taxón específico en el efecto del cobre sobre estas comunidades.

Socio Patrocinante: Dr. Sylvain Faugeron.

Agradecimientos: Proyecto VRAID 05/2010; FONDECYT 1110364; CASEB group 7.

Paneles III



BR

GENÉTICA MOLECULAR

258. FILOGEOGRAFÍA DEL CRUSTÁCEO INCUBADOR SUPRALITORAL *ORCHESTOIDEA TUBERCULATA* (Phylogeography of the supralittoral brooder crustacean *Orchestoidea tuberculata*).

Gálvez, F. E. & Haye, P.

Departamento de Biología Marina & CEAZA, Universidad Católica del Norte, Coquimbo.

Especies intermareales con bajo potencial de dispersión tienden a presentar una alta estructuración genética espacial. El anfípodo talitroídeo *Orchestoidea tuberculata* es incubador y habita playas de arena en la zona supralitoral de la costa de Chile (23° a 44°S). Si para *O. tuberculata* los roqueríos que separan el intermareal arenoso impiden la conectividad entre poblaciones locales, se espera que exista alta diferenciación genética entre playas de arena. Se analizaron secuencias del gen COI de individuos de *O. tuberculata* obtenidos entre los 25°S a 41°S y de otros talitroídeos que se usaron como *outgroup*. Esto confirmó la monofilia de *O. tuberculata* y reveló que está compuesta por cuatro clados altamente soportados y divergentes. El valor promedio de distancia genética p entre clados fue 2,05% y el de Φ_{st} 0,92. El análisis filogeográfico de los haplotipos indica que los clados de *O. tuberculata* tienen fuerte estructura geográfica, sin sobreposición. También hay diferenciación intraclado, ya que individuos de un mismo clado, pero de localidades separadas por aproximadamente 50 km no comparten haplotipos. En su conjunto, los resultados sugieren que los clados detectados corresponden a linajes en vías de especiación y que para incubadores, las discontinuidades en el hábitat y la deriva genética en el tiempo conllevan a una fuerte diferenciación a mesoescala espacial (entre regiones).

Proyecto Fondecyt 1090670.

259. DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURACIÓN POBLACIONAL DE CEPHALORHYNCHUS EUTROPIA EN LA COSTA DE CHILE.

Pérez-Alvarez M. J., Olavarría, C., Moraga, R. Poulin, E.

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

El delfín chileno, *C. eutropia*, se distribuye entre 32°56'S y 55°14'S, caracterizándose por habitar dos áreas geográficamente distintas: costa abierta, bahías y estuarios desde Valparaíso a Chiloé (Zona Norte) y canales y fiordos entre Chiloé e Isla Navarino (Zona Sur). Este quiebre geográfico concuerda con el límite glacial norte pleistocénico y con regiones biogeográficas pelágicas descritas. Con el objeto de evaluar la diversidad genética, estructuración poblacional de la especie, y entender la contribución de los ciclos glaciales en su patrón de distribución, se analizaron fragmentos de 663pb (ADNmt, región control) correspondientes a 42 muestras de piel. A nivel global, se identificaron 15 haplotipos de 16 sitios polimórficos. La diversidad haplotípica (H) y nucleotídica (π) obtenida fue 0,693 y 0,003 respectivamente. Solo un haplotipo fue compartido entre ambas zonas de distribución. Las poblaciones provenientes de ZN ($n=8$) presentan valores de H y π mayores que la ZS ($n=34$) (H : 0,929 v/s 0,608 y π : 0,005 v/s 0,002 respectivamente). Lo anterior sugeriría que efectos fundadores provenientes de ZN originarían las poblaciones presentes en ZS, expandiendo el rango de distribución de la especie mediante recolonización postglacial.

260. HOMOGENEIDAD GENÉTICA CON CONECTIVIDAD ASIMÉTRICA EN *EMERITA ANALOGA* (Genetic homogeneity with asymmetric connectivity in *Emerita analoga*).

Muñoz, N. & Haye, P. A.

Departamento de Biología Marina & CEAZA, Universidad Católica del Norte, Coquimbo.

Emerita analoga es un crustáceo de playas de arena con una duración larval > 50 días. Se espera que *E. analoga* presente homogeneidad genética con el gen COI, igual que otros organismos marinos con similar historia de vida. En la costa de Chile, las larvas están inmersas en un sistema de corrientes costeras con dirección cambiante temporalmente, por lo que se espera que no haya direccionalidad neta en la huella histórica de la conectividad entre poblaciones de esta especie. Se obtuvieron 312 secuencias del gen COI de 10 localidades entre 18°S y 42°S. Se detectó ausencia de diferenciación genética entre pares de poblaciones, con F_{ST} promedio de 0,001 y la mayoría de los valores no significativos. Por otro lado, se estimaron los parámetros de migración poblacional con MIGRATE-n, encontrando que el flujo genético neto presentó direccionalidad norte-sur entre los 18° a 30°S y sur-norte entre los 32°S a 42°S. En la zona geográfica en que cambia la dirección neta del flujo genético, se detectaron zonas que reciben más migrantes que los que donan al sistema (sumideros). Interesantemente, el cambio en la dirección del flujo génico ocurre a la misma latitud (30°S) que un quiebre biogeográfico marino de la costa de Chile, así como uno filogeográfico detectado en organismos con bajo potencial de dispersión.

Proyecto FONDECYT 1090670.

261. LA ESTRUCTURA FILOGENÉTICA DE PLANTAS EXÓTICAS EN COMUNIDADES AGRÍCOLAS DE CHILE CENTRAL (The phylogenetic structure of exotic plants in crop communities of central Chile).

Carvalho, G. O.^{1,2}, Teillier, S.³, Castro, S.⁴, Figueroa, J. A.^{3,5}

¹ Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. Av. Universidad 330, Curauma-Placilla, Valparaíso, Chile. E-mail: gcarvallob@gmail.com

² Escuela de Pedagogía en Biología y Ciencias, Facultad de Ciencias de la Educación, Universidad Central, Chile.

³ Escuela de Arquitectura del Paisaje, Facultad de Arquitectura y Urbanismo, Universidad Central, Chile.

⁴ Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago, Chile.

⁵ ONG Entorno, Chile.

Las plantas exóticas presentan un conjunto de rasgos relacionados con su capacidad de invasión, permitiéndoles expandirse en diversas formaciones vegetacionales. En comunidades con una extensa historia evolutiva de coexistencia entre sus especies, los rasgos pertenecerían a taxa relacionados filogenéticamente representando una historia de ensamblaje común. Por el contrario, en comunidades recientemente ensambladas, los rasgos y su distribución filogenética presentarían mayor variabilidad, debido a una menor oportunidad de exclusión de especies pioneras en estas comunidades. Evaluamos estas hipótesis estudiando comunidades no naturales generadas por actividades humanas, contrastando comunidades "antiguas" (cultivos silvícolas y arbóreo-frutícolas) con comunidades "nuevas" (cultivos agrícolas anuales). En los años 2009 y 2010 caracterizamos la composición taxonómica de 67 parcelas localizadas en áreas rurales de las regiones de Valparaíso y Metropolitana. En base a la composición taxonómica de estas parcelas, determinamos la relación filogenética de las especies, las reglas de ensamblaje que establecen su estructura, y la señal filogenética que presentan 10 rasgos que contribuirían a la invasividad de las especies comparando comunidades de edad contrastante. A nivel regional se identificaron 398 especies de plantas vasculares pertenecientes a 38 órdenes. Los cultivos anuales y arbóreos presentaron 155 y 126 especies, respectivamente. Nuestros resultados previos sugieren un alto conservatismo filogenético en los rasgos relacionados con invasión, una estructura filogenética agrupada en comunidades "antiguas" y dispersa en comunidades "nuevas". Concluimos que las comunidades "nuevas" mantienen su mayor variabilidad filogenética debido a la incorporación permanente de nuevos propágulos; en comunidades "antiguas" los efectos competitivos entre las especies residentes y las nuevas especies generarían una selección de especies filogenéticamente acotadas.

Agradecimientos: Proyecto Interno 001 Universidad Central.

262. PATRONES DE DIVERSIDAD GENÉTICA Y CONECTIVIDAD ALREDEDOR DEL CONTINENTE ANTÁRTICO EN EL ERIZO REGULAR *STERECHINUS NEUMAYERI* (Patterns of genetic diversity and connectivity around the Antarctic continent in the regular sea urchin *Sterechninus neumayeri*).

Díaz, A.¹, Chenuil A.², Féral, J-P.², David, B.³, Saucède, T.³ and Poulin, E.¹

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

² Université de la Méditerranée-CNRS, UMR 6540 DIMAR, COM-Station Marine d'Endoume, Marseille, France.

³ Université de Bourgogne-CNRS, UMR 5561 Biogéosciences, Dijon, France.

Los equinodermos son parte importante de la fauna marina Antártica, entre ellos la especie *Sterechninus neumayeri* es la especie de erizo más abundante alrededor de sus costas y por lo tanto es un componente importante del Océano Austral. No obstante, la distribución y los patrones de diversidad genética de *S. neumayeri* alrededor del continente Antártico aún carecen de información que permita entender su historia evolutiva. Las herramientas moleculares permiten nuevas vías de entendimiento de la historia evolutiva de las especies y de los procesos que gobiernan su diversidad y distribución, por lo tanto este estudio busca entender cuáles son los patrones de diversidad genética de la especie *S. neumayeri* alrededor de Antártica a partir de la amplificación del gen mitocondrial COI y los genes nucleares ITS y microsatélites. Los resultados para muestras obtenidas en siete puntos distintos alrededor de Antártica indican que existe una importante conectividad alrededor del continente, sin estructuración genética, pero con bajos niveles de diversidad.

Agradecimientos: Beca CONICYT, INACH B05-09, IEB proyecto ICM P05-002 y PFB -23.

263. FILOGEOGRAFÍA DE *NYCTELIA CONFUSA* (COLEOPTERA: TENEBRIONIDAE) EN PATAGONIA (Phylogeography of *Nyctelia confusa* (Coleoptera: Tenebrionidae) in Patagonia).

Zúñiga-Reinoso A.^{1,2}, Jerez V.², Hernández C. E.² & M. Méndez¹.

¹ Laboratorio de Genética y Evolución, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. alzure@gmail.com

Durante las glaciaciones pleistocénicas, Patagonia estuvo cubierta extensamente por hielo. Esto afectó demográficamente a las especies de esta región, particularmente a las especies endémicas, con baja vagilidad, restringido hábitat y acotada distribución, como es *Nyctelia confusa*. Especie que además muestra diferenciación morfológica dentro del rango de distribución. El objetivo de este estudio fue determinar el efecto de las glaciaciones sobre el tamaño poblacional y la estructuración de la diversidad genética asociada a los morfotipos de *N. confusa*. Se secuenciaron 69 ejemplares para la región mitocondrial COI, se determinó el tamaño efectivo poblacional y el grado de estructuración geográfica de las poblaciones. Los resultados entregan señales de reciente expansión poblacional, sin señales de estructuración entre poblaciones. Proponemos que la sobrevivencia actual de *N. confusa* se debió a la presencia de un único refugio glacial cerca de la localidad de Río Turbio. Nuestros resultados sustentan que la población aislada se expandió una vez asentada la estepa luego del retroceso glacial. Los grandes tamaños poblacionales, además de su vagilidad, sustentarían un escenario de expansión con rápida homogenización de la diversidad genética, resultando en una población actual sin estructuración cuya diferenciación morfológica, se debería a plasticidad fenotípica asociada al gradiente climático.

264. FILOGEOGRAFÍA DE *THYLAMYS ELEGANS* (DIDELPHIDAE, DIDELPHIMORPHIA): UN MARSUPIAL ENDÉMICO DE CHILE MEDITERRÁNEO (Phylogeography of *Thylamys elegans* (Didelphidae, Didelphimorphia): an endemic marsupial of Mediterranean Chile).

Boric-Bargetto, D.¹, Hernández, C. E.¹, Palma, R. E.².

¹ Laboratorio de Diversidad Molecular y Filoinformática, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. Casilla 160-C, Concepción, Chile.

² Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad (CASEB) y Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile, Alameda 340, Santiago, Chile.

En el "hotspot" de Chile central habita *Thylamys elegans* (Waterhouse, 1839) (Didelphidae, Didelphimorphia), la yaca, marsupial endémico de la ecorregión Mediterránea de Chile, del tipo de los "mouse opossums", que se distribuye entre los 21°S y 36°S. Se evaluó la existencia de sus subespecies *T. e. elegans* y *T. e. coquimbensis*. Para lograr este objetivo se utilizó una aproximación filogeográfica mediante la secuenciación del gen mitocondrial *cyt b*. Nuestros resultados preliminares evidencian dos clados con una marcada estructura filogeográfica. En el primer clado se reconocen subclados que agrupan individuos de la región centro-norte en el valle central, costa y precordillera. El segundo clado o clado sur presenta dos subclados en un gradiente norte-sur con localidades costeras y precordilleranas. Se concluye que existen al menos dos linajes en el rango de distribución de *T. e. elegans*. El clado centro-

norte correspondería a *T. e. elegans*, mientras que el clado sur sería una nueva subespecie. El subclado precordillerano del clado norte-centro correspondería a *T. e. coquimbensis*.

Agradecimientos: FONDECYT 11080110, 1100558, CASEB, Escuela Graduados UDEC, CONICYT.

265. FILOGEOGRAFÍA Y GENÉTICA POBLACIONAL DEL FELINO *LEOPARDUS GUIGNA* EN EL SUR DE SUDAMÉRICA: IDENTIFICANDO UNIDADES PARA CONSERVACIÓN (Phylogeography and population genetics of the felid *Leopardus guigna* in southern South America: Identifying Conservation Units).

Napolitano, C.¹; Sanderson, J.²; Johnson, W. E.³; O'Brien, S. J.³; Hoelzel, A. R.⁴; Freer, R.⁵; Dunstone, N.⁶; Ritland, K.⁷ & Poulin, E.¹

¹ Laboratorio de Ecología Molecular & Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Small Wild Cat Conservation Foundation, EEUU.

³ Laboratory of Genomic Diversity, National Cancer Institute, Frederick, EEUU.

⁴ School of Biological and Biomedical Sciences, Durham University, Durham, Reino Unido.

⁵ FPCR Environment & Design Ltd., Derby, Reino Unido.

⁶ Natural History New Zealand, Dunedin, Nueva Zelanda;

⁷ Department of Forest Sciences, University of British Columbia, Vancouver, Canadá.

Se investigó la diversidad genética, estructura poblacional e historia demográfica de la güiña (*Leopardus guigna*) por medio del análisis de 1.798 pb del ADNmt (genes HVS-I, NADH-5, 16S, ATP-8) y 13 loci microsatélites en 105 individuos muestreados desde 30°S a 48°S en Chile y Argentina. Se observa un patrón filogeográfico claro y una separación moderada entre las poblaciones del norte y sur de su distribución, apoyando las particiones subespecíficas previamente propuestas. La cordillera de los Andes no se evidencia como una barrera histórica ni contemporánea al flujo génico en la especie. Se identificaron eventos de cuello de botella para sus poblaciones más australes, presumiblemente asociados a la extensión de los hielos del último período glacial en el sur de Sudamérica. La especie puede ser dividida en al menos tres unidades de conservación, definidas por las barreras tanto históricas como contemporáneas identificadas.

Patrocinio: Poulin, E.

Agradecimientos: Instituto de Ecología y Biodiversidad Proyecto ICM P05-002 y PFB-23.

266. VARIACIÓN GENÉTICO-MOLECULAR EN *JASUS FRONTALIS* (Molecular genetic variation in *Jasus frontalis*).

Guerra, J. F.¹; Palma, A. T.¹; Palma, R. E.¹

¹Departamento de Ecología, P. Universidad Católica de Chile y CASEB.

La langosta del archipiélago de Juan Fernández (*Jasus frontalis*) es una especie endémica la cual es el único representante de su género en nuestro país. Su asentamiento está restringido a las tres islas del archipiélago (Robinson Crusoe, Alejandro Selkirk, Santa Clara) y a las Islas Desventuradas (San Ambrosio y San Félix, aproximadamente 600 km al norte). *Jasus frontalis* coexiste en el archipiélago junto a la langosta *Acantharctus delfini*, también endémica. Quisimos evaluar el grado de diferenciación genético molecular entre las poblaciones de la isla Robinson Crusoe y las Islas Desventuradas así como caracterizar taxonómicamente las larvas de *Jasus frontalis*. Realizamos muestreos en distintas localidades del archipiélago Juan Fernández e Islas Desventuradas, recolectando muestras de larvas así como adultos. Secuenciamos los fragmentos de los genes mitocondriales Citocromo Oxidasa II y RNA ribosomal 16s. Los resultados obtenidos con el marcador 16s permitieron identificar inequívocamente algunas de las larvas como *Jasus frontalis*, lo que permitió distinguir un criterio taxonómico para diferenciar las larvas de ambas especies. A través de una reconstrucción filogenética utilizando secuencias obtenidas con el marcador COII, fue posible distinguir dos clados diferenciados que no concuerdan geográficamente con las poblaciones de *Jasus frontalis* de los distintos sitios de muestreo, ni con el estado de su ciclo de vida. No fue posible reconocer una estructuración poblacional que identifique las distintas localidades muestreadas.

FONDECYT 1080009, 1100558.

267. DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURACIÓN A PEQUEÑA ESCALA DE *ABATUS AGASSIZII* (MORTENSEN, 1910), UN ERIZO ANTÁRTICO INCUBANTE DE LA BAHÍA FILDES (ISLA REY JORGE, SHETLAND DEL SUR) (Genetic diversity and small scale population structure of *Abatus agassizii* (Mortensen, 1910), a brooding Antarctic echinoid from Bahia Fildes, King Georges Island, South Shetland).

Gerard, K., Maturana, C., Martínez, A., Díaz, A., Poulin, E. Laboratorio de Ecología Molecular (LEM), Instituto Ecología y Biodiversidad (IEB), Universidad de Chile, Santiago, Chile.

Los invertebrados marinos bentónicos de la Antártica se caracterizan por una alta proporción de especies incubantes. La incubación corresponde a la retención de huevos por la hembra, limitando la dispersión de las crías. El género de erizo *Abatus* es endémico de las regiones antárticas y subantárticas e incluye 11 especies, todas incubantes. En estas especies, la baja dispersión de gametos masculinos, así como la limitada movilidad de los adultos, deberían limitar drásticamente la conexión entre parches aislados de individuos y por ende el flujo de genes entre y dentro de las poblaciones. En este estudio, caracterizamos los límites geográficos de la población de *A. agassizii* en la Bahía Fildes (Isla Rey Jorge) con el fin de analizar la diversidad genética intrapoblacional y determinamos la existencia de una estructura genética a pequeña escala (desde 800 m) usando 9 marcadores microsatélites. A partir de estos datos, discutimos cómo se produce el proceso de diferenciación en especies incubantes con baja capacidad de dispersión.

Patrocinio: Elie Poulin.

Agradecimientos: Corporación IEB (P05-002ICM, PFB-23), FONDECYT 3100139, INACH.

268. EFECTO DE LOS EMBALSES SOBRE LA ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DEL PEJERREY DE RÍO *BASILICHTHYS MICROLEPITODUS* (Dams effect on population genetic structure of the riverine silverside *Basilichthys microlepidodus*).

Muñoz, P.¹ & Véliz, D.¹

¹Facultad de Ciencias e Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile.

Los embalses son considerados una de las mayores perturbaciones producidas por el hombre sobre los ecosistemas dulceacuícolas ya que producen degradación y fragmentación del hábitat bloqueando el normal flujo génico e incrementando el aislamiento reproductivo entre las poblaciones naturales que se ubican río arriba y río abajo de las represas. El objetivo principal del presente estudio es determinar, utilizando marcadores microsatélites, el efecto de la disrupción física provocada por los embalses Recoleta y Corrales emplazados en la cuenca hidrográfica del río Limarí y Choapa, respectivamente. Se cuantificaron efectos en la diversidad genética, migración y estructura de las poblaciones del pejerrey *Basilichthys microlepidodus*, especie que se encuentra en un estado de conservación vulnerable. Los resultados muestran que utilizando cinco marcadores microsatélites es posible diferenciar notoriamente las poblaciones naturales de pejerrey pertenecientes a cada cuenca hidrográfica, sin embargo no es posible determinar una discontinuidad poblacional dentro de cada cuenca. Por lo tanto, no se puede afirmar que los embalses Recoleta y Corrales constituyen una barrera física que impide el flujo génico entre las poblaciones de *Basilichthys microlepidodus* ubicadas río arriba y abajo en cada embalse.

Agradecimientos: FONDECYT #1100341, ICM P05- 002, PFB-23 (IEB).

269. VARIACIÓN LATITUDINAL DE DIVERSIDAD Y DIFERENCIACIÓN GENÉTICA EN DOS ASTEROIDEOS (latitudinal variation of genetic diversity and differentiation of two starfishes).

Segovia, N. I. & Haye, P. A.

Departamento de Biología Marina & CEAZA, Universidad Católica del Norte, Coquimbo.

Si la diversidad y diferenciación genética en especies dispersivas es mayor en localidades cercanas al área de origen del taxa superior (género), para la costa de Chile se esperaría que especies con afinidad a aguas frías presenten un aumento latitudinal de la diversidad y diferenciación genética y especies con afinidad a aguas cálidas el patrón opuesto. Se comparó la variación latitudinal de la diversidad y diferenciación genética en dos asteroideos, *Heliaster helianthus* (sol) y *Stichaster striatus* (estrella), con afinidades a aguas cálidas y frías, respectivamente. Se analizaron secuencias de COI de 266 y 285 individuos de soles y estrellas, abarcando > 1.800 km de costa. Concordante con las predicciones, *S. striatus* presentó variación latitudinal positiva y altamente significativa de la diversidad genética. El resto de las relaciones latitudinales analizadas para ambas especies resultaron no significativas. En *S. striatus* varios valores de diferenciación entre poblaciones son significativos, con una estructura de aislamiento por distancia sugiriendo que el flujo genético es limitante y podría enmascarar el patrón latitudinal esperado. La estructura genética latitudinal de *H. helianthus* probablemente esta estructurada por flujo genético homogenizante y por efectos de la deriva genética al sur del rango que podría aun estar en expansión. Análisis genético-latitudinales comparativos contribuirán al entendimiento de los mecanismos que regulan gradientes latitudinales.

Proyecto Fondecyt 1090670

270. ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA PARA ESTIMAR LA CONECTIVIDAD EN PECES INTERMAREALES DE CHILE CENTRAL (Genetic approach to measure connectivity in intertidal fishes in Chile central).

Mansur, L. E., Varas, B. Hinrichsen, P. Ojeda, F. Patricio
Depto: Ecología Facultad: Ciencias Biológicas: Pontificia Universidad Católica de Chile.

En estudios de ecología marina, uno de los temas centrales es la conectividad. En peces con ciclos de vida complejo, la dispersión ocurre en los estadios larvales pelágicos. El pequeño tamaño de las larvas, su comportamiento y las condiciones oceanográficas en las cuales se desarrollan, dificultan el entendimiento del fenómeno. Actualmente, es posible determinar el rango geográfico de peces litorales utilizando técnicas genéticas. En Chile, estudios que aborden la conectividad o dispersión en peces son escasos. En el presente trabajo se analizó la estructura genética de *Helcogrammoides chilensis* (especie residente) y *Girella levifrons* (especie temporal) en seis intermareales rocosos de Chile central. Se utilizó la técnica "Amplified fragment length polymorphism" (AFLP), con ocho combinaciones de partidores. Los fragmentos de ADN polimórficos obtenidos, se compilaron en una matriz de datos binarios y se calcularon índices de similitud genética y de diferenciación FST global y entre pares de localidades. Se evaluó si el FST global es significativamente diferente de cero y la correlación entre diferenciación genética poblacional [$F_{ST}/(1-F_{ST})$] y distancia geográfica utilizando el test de Mantel. A partir de los resultados, se discute la relevancia de la estrategia de vida como determinante en la distancia de estructuración genética en peces intermareales, y la necesidad de contar con estos análisis para la toma de decisiones de manejo o conservación en ambientes marinos.

271. DISTINTAS APROXIMACIONES GENÉTICAS PARA EVALUAR DISPERSIÓN (Different genetic approaches to evaluate dispersion).

Muñoz-de Toledo, T., Faugeron, S.
Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity, Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Alameda 340, Santiago.

La dispersión es caracterizada generalmente mediante la estimación del flujo génico. Sin embargo, el flujo génico depende de la estructuración espacial de la diversidad genética, la cual a su vez está relacionada con varios factores, tales como la estructura y dinámica demográfica local, el éxito reproductivo y su varianza. Estos factores afectan la diversidad genética local de una especie, y por lo tanto su estructuración espacial, desviando los datos empíricos de los supuestos de los modelos teóricos en que se basan las estimaciones de flujo génico. El flujo génico puede entonces ser tanto el reflejo de la dispersión como de procesos demográficos locales. El objetivo de este estudio es entonces caracterizar la dispersión efectiva, comparando estimaciones clásicas de la genética de poblaciones, basadas en el flujo génico, con una aproximación más directa por análisis de paternidad para inferir el kernel de dispersión. El modelo biológico escogido es el huero negro, *Lessonia nigrescens*, el cual presenta una distribución espacial heterogénea de los individuos, cortas distancias de dispersión (decenas de metros), y una fuerte estructuración genética en pequeñas escalas espaciales. Este trabajo se basó en un muestreo exhaustivo de individuos adultos y reclutas provenientes de distintas localidades, que fueron genotipados con marcadores microsatélites.

Patrocinio: FONDECYT 1090742.

ECOLOGÍA-ECOFISIOLOGÍA

272. DETECCIÓN DEL HONGO CHYTRIDO EN ANFIBIOS NATIVOS MEDIANTE TÉCNICAS MOLECULARES (Chytrid fungus detection on native amphibian using molecular diagnosis).

Calderón-Pérez, P., Manzano, M., Charrier, A. & Armesto, J. J.
Laboratorio de Ecología de Sistemas Terrestres, Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

La última actualización de la IUCN sobre el estado de conservación de anfibios (2008), reporta que el 32% de las especies estarían amenazadas o extintas y al menos el 42% muestran declinación en sus poblaciones. La pérdida de hábitat se reconoce como la mayor amenaza, sin embargo la Chytridiomycosis está afectando a un número creciente de especies. Si bien los anfibios presentan los niveles más altos de endemismo entre los vertebrados chilenos (69%), no se han realizado estudios suficientes para determinar el impacto de esta enfermedad. La presencia del hongo solo ha sido reportada en *Xenopus laevis* y *Rhinoderma darwinii*. El objetivo de este trabajo fue detectar la presencia de *Batrachochytrium dendrobatidis* en anfibios nativos. Para ello se realizó un muestreo que cubrió las zonas de mayor probabilidad de ocurrencia del hongo, abarcando desde la V hasta la X Región. Se realizaron frotis de piel en 60 individuos. Se extrajo DNA y se realizó PCR convencional para detectar la presencia del hongo. Se encontraron 2 nuevos portadores: *Pleurodema thaul* y *Eupsophus vertebralis*. Estos resultados muestran que el hongo ha expandido su rango de huéspedes. Es prioritario comprobar si esta condición afecta la sobrevivencia de las poblaciones.

Agradecimientos: IEB, CASEB, Atlanta Botanical Garden.

273. VARIACIÓN INDIVIDUAL DE LA CONDUCTA AGONÍSTICA EN *PAGURUS COMPTUS* EN CONDICIONES DE LABORATORIO (Individual variation in agonistic behavior in *Pagurus comptus* under laboratory conditions).

Veas, P. & George-Nascimento, M.

Departamento de Ecología Costera, Facultad de Ciencias, Universidad Católica de la Santísima Concepción, Casilla 297, Concepción, Chile.

Las conductas agonísticas se definen como enfrentamientos por los cuales un individuo consigue un recurso. Estas se explican por medio de varios modelos, de los cuales la agresividad inherente entendida como la tendencia individual de generar un enfrentamiento, es muy compleja de evaluar ya que enfatiza que los sujetos no responden similarmente. En Chile, el cangrejo hermitaño *Pagurus comptus* ha recibido amplio interés aunque sus antecedentes conductuales son nulos. El presente estudio aísla asimetrías de tamaño y factores motivacionales en un escenario experimental, que permiten evaluar niveles de agresividad entre individuos de esta especie. Se registró la frecuencia de agresiones y sus duraciones en experimentos que involucraron solo enfrentamientos simétricos entre doce machos categorizados en tres clases de longitud cefalotorácica. Las diferencias intersujetos para las variables evaluadas fueron significativas, como también los efectos del tamaño corporal y de la cantidad de contrincantes, se discute que los niveles de agresividad varían en mayor proporción debido a la influencia de estos factores. Sin embargo, en algunos casos los coeficientes de variación aplicados a cada individuo superan al promedio de ambas variables de respuesta hasta en un triple, lo cual sugiere que la agresividad varía entre sujetos experimentales.

274. EFECTO DE LA VARIACIÓN DE LA CONCENTRACIÓN DE NH₃ SOBRE LA CONDUCTA DE ESCAPE Y DESPLAZAMIENTO DE *ALLOPETROLISTHES PUNCTATUS* (GUÉRIN, 1835) (CRUSTACEA: PORCELLANIDAE) (Effect of variation in NH₃ concentration on escape and displacement behavior of *Allopetrolisthes punctatus* (Guérin, 1835) (Crustacea: Porcellanidae)).

Vivanco M. F.¹, Manquilef J. P.¹ & Neill P. E.¹

¹ LEIM, Depto. Ecología, Fac. Ciencias, UCSC, Casilla 297, Concepción, Chile.

El cangrejo *Allopetrolisthes punctatus* forma grandes y densas agregaciones, particularmente en sitios sometidos a fuertes corrientes. El recambio de agua posiblemente favorece la eliminación de sustancias tóxicas (e.g. NH₃), así permitiendo la coexistencia de altas densidades de individuos. En este trabajo se evaluó el efecto de distintas concentraciones de NH₃ sobre conductas de escape y el tiempo de desplazamiento de *A. punctatus*. Organismos fueron aclimatados previo ser sometidos a tratamientos de baja, media o alta NH₃ y se evaluó la frecuencia de escape de la agregación. Para evaluar efectos sobre el estado fisiológico, organismos previamente sometidos a distintas concentraciones de NH₃ fueron llevados individualmente al centro de un acuario cilíndrico donde se evaluó el tiempo de desplazamiento hasta el borde. No se encontraron diferencias significativas en el número de individuos que escaparon de la agregación bajo distintas concentraciones de NH₃. En contraste, se encontró una asociación entre la concentración de NH₃ y el tiempo de desplazamiento ($\chi^2 = 25,3$; g.l = 2; p < 0,0001), con mayores tiempos de desplazamiento a altas concentraciones de amoníaco. Los resultados indican que esta especie es capaz de soportar altos niveles de amoníaco, probablemente favoreciendo la formación de agregaciones.

275. PATRÓN DE ACTIVIDAD, ÁMBITO DE HOGAR Y USO COMPARTIDO DE NIDOS EN EL ROEDOR SEMIFOSORIAL *ACONAEMYS PORTERI* (Daily activity pattern, home range, and communal use of nests in the semifossorial rodent *Aconaemys porteri*).

Frugone, M. J.¹, Ebensperger L. A.², Soto-Gamboa M.¹

¹ Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

² CASEB y Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas. P. Universidad Católica de Chile.

En roedores, los sistemas sociales fluctúan desde vida solitaria hasta agrupaciones que comparten áreas de alimentación y madrigueras. La evolución de estos sistemas ha sido estudiada en base a costos y beneficios, o de restricciones ambientales que limitan la vida en solitario. Se ha establecido que existiría una relación entre sociabilidad y los patrones de actividad, donde la vida en grupo facilitaría la actividad diurna. En este trabajo presentamos los resultados preliminares de un estudio realizado para determinar la actividad y grado de sociabilidad en *A. porteri*. Se realizó telemetría a 5 individuos marcados con radiocollares, con lo que se determinó la actividad diaria, el ámbito de hogar y la frecuencia de nidos comunales. Los resultados mostraron un patrón de actividad crepuscular, y un ámbito de hogar (95%) variable (161-2298 m²). Solo una pareja adulta compartió nidos. Sugerimos que *A. porteri* sería un roedor crepuscular, con ámbito de hogar promedio menor a los reportados para otras especies como *O. degus*, y con grados de sociabilidad insipientes.

CASEB, FONDECYT 10900302.

276. VARIACIÓN DE RASGOS DE HISTORIA DE VIDA EN TRES POBLACIONES ALTIPLÁNICAS DE CARACOLES ACUÁTICOS DEL GÉNERO: *BIOMPHALARIA* (Life history traits variation in three altiplanic populations of fresh water snails (genus: *Biomphalaria*)).

Salinas, H. Collado, G. Méndez, M.

Laboratorio de Genética y Evolución, Universidad de Chile.

El género *Biomphalaria* se distribuye en Chile desde el extremo norte hasta el río Puelo. En el Altiplano hemos detectado poblaciones en sistemas hídricos aislados entre sí. Se estudiaron individuos de las siguientes localidades: Bofedal de Caquena y Colpa (cuenca del río Caquena); y Bofedal de Parinacota (cuenca del río Lauca). Estos fueron recolectados y llevados al laboratorio donde se cultivaron en condiciones de jardín común. Se midió la longitud de la concha, la tasa de oviposición diaria y el número de huevos por ovicápsula depositadas por los caracoles en el laboratorio. Adicionalmente, en los juveniles eclosionados se midió el tamaño de los caracoles al momento de la eclosión y la tasa de crecimiento hasta la semana 12. Los resultados muestran que los caracoles adultos de Parinacota presentaron un mayor tamaño en comparación a los caracoles de Caquena y Colpa, y que depositaron un mayor número de huevos promedio por ovicápsula. No se encontraron diferencias en la tasa de oviposición diaria entre las tres poblaciones. En contraste, los juveniles de Colpa presentaron el mayor tamaño de eclosión y la menor tasa de crecimiento. Se discute la existencia de adaptación local en estas poblaciones.

Financiamiento: Proyecto Domeyko, Iniciativa Transversal 1.

277. VARIACIÓN ESTACIONAL EN LOS NICHOS ISOTÓPICOS DE LOS PINGÜINOS PIGOSCÉLIDOS (ORDEN: SPHENISCIFORMES) EN ISLA ARDLEY, SHETLAND DEL SUR. ANTÁRTICA (Seasonal variation in isotopic niches of Pigoscelid penguins at Ardley Island, Antarctic).

Negrete, P.¹, Sabat P.¹, Sallaberry M.¹, Perona F.¹, Cavieres G.¹, Quillfeldt P.²

¹ Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Casilla 653, Santiago, Chile.

² Max Planck Institute for Ornithology, Vogelwarte Radolfzell, 78315 Radolfzell, Germany

* Email: negretepablo@gmail.com

En las últimas décadas drásticas variaciones climáticas han afectado la ecología trófica de los pingüinos Pigoscélidos al norte de la Antártica, siendo escasa la información acerca de los efectos sobre el nicho ecológico y hábitos alimentarios. En este estudio, utilizamos el análisis de isótopos estables ($\delta^{15}\text{N}$, $\delta^{13}\text{C}$) en dos tejidos (corregidos con factor discriminante) para determinar el nicho isotópico de las tres especies *Pygoscelis* de Isla Ardley en periodo migratorio (plumas) y reproductivo (sangre). Además, mediante el análisis de las principales presas inferimos la composición de la dieta en ambos periodos. Los pingüinos de la temporada reproductiva presentaron, en general, mayor valor de $\delta^{13}\text{C}$ y $\delta^{15}\text{N}$ que los de la temporada migratoria. Mientras que a nivel de nicho isotópico y composición alimentaria, Papua exhibió una menor variación en cuanto al desplazamiento del nicho e incorporación de presas de distinto nivel trófico. Estos resultados sugieren, que los pingüinos Pigoscélidos varían drásticamente su dieta, ocupando un nicho relativamente distinto en periodo migratorio, aunque manteniendo Papua características similares del periodo reproductivo. Estimamos que las características del nicho ecológico de los Pigoscélidos en periodo reproductivo están determinadas por la restricción de retornar a la colonia y la exclusión competitiva que ejerce Papua sobre Adelia y Barbijo, limitaciones que no existen durante la migración, lo que genera hábitos alimentarios de mayor similitud.

Esta Investigación fue financiada por el Instituto Antártico Chileno, Fuerza Aérea de Chile y Correos de Chile. Además de la colaboración en el análisis de isótopos de la Dra. Petra Quillfeldt y el Dr. Ronna McGill.

Agradecimientos a INACH, FACH, Correos de Chile, Dra. Petra Quillfeldt y Dr. Ronna McGill.

278. ¿EXISTE DEPENDENCIA ONTOGENÉTICA EN LA CAPACIDAD DE CAMBIO METABOLICO DE PHYLLOTIS DARWINI? (Is the ability of metabolic change in dependent of ontogenetic history?)

Cavieres, G.¹, Núñez-Villegas, M.¹ & Sabat, P.^{1,2}

¹ Laboratorio de Ecofisiología Animal, Departamento de Ciencias Ecológicas Universidad de Chile.

² Center for Advanced Studies in Ecology & Biodiversity, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Investigamos el efecto de la historia térmica experimentada durante el desarrollo sobre la flexibilidad fisiológica de rasgos energéticos (tasa metabólica basal, TMB; conductancia térmica, CT; tamaño corporal) en el roedor altricial *Phyllotis darwini*. Se aclimataron crías a dos temperaturas contrastantes, 15 y 30°C hasta la adultez, posteriormente, los individuos fueron reacondicionados al tratamiento térmico opuesto. Los resultados revelaron un

significativo efecto de la historia térmica del desarrollo en las capacidades adultas. Individuos desarrollados a 15°C presentaron un incremento significativo en TMB, paralelamente quienes se desarrollaron a 30°C mostraron metabolismos más bajos, y una CT significativamente mayor, asociada a su vez con un incremento de rasgos morfológicos relacionados con la pérdida de calor. Concluida la aclimatación adulta, no se observaron diferencias significativas en BMR. Adultos aclimatados a 30°C no disminuyeron BMR, sin embargo quienes se desarrollaron a 30°C tendieron a incrementar BMR. Adicionalmente la CT de animales desarrollados a 30°C cambia cuando se reacondiciona a 15°C, pero no en sentido opuesto. Los rasgos morfológicos presentan normas de reacción inflexibles. Los resultados, sugieren la existencia de dependencia ontogenética en la capacidad de cambio de atributos metabólicos.

Agradecimientos: Beca apoyo tesis doctoral AT-24100135.

279. PAPEL DEL ANIDAMIENTO COMUNAL EN EL AHORRO ENERGÉTICO DURANTE LA HIBERNACIÓN EN DROMICIOPS GLIROIDES (The role of communal nesting on energetic savings during hibernation in *Dromiciops gliroides*).

Contreras, C., Franco, L. M., Soto-Gamboa M., Nespolo, R. F. Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución, Facultad de ciencias, Universidad Austral de Chile.

El agrupamiento o "huddling" ha sido propuesto como uno de los mecanismos más importantes en la conservación de la energía en algunas especies de pequeños mamíferos. Esto porque en endotermos pequeños, la mantención de una temperatura corporal constante se logra a expensas de altos costos de termorregulación. Se utilizó el monito del monte como modelo de estudio, pues es una especie hibernante. Se quiso establecer si el agrupamiento afecta a la eficiencia del ahorro energético durante la hibernación. Entonces, para conocer el papel del agrupamiento en el ahorro energético durante la hibernación se evaluaron individuos agrupados y solitarios a 20°C y 10° C. A estos animales se les registró la tasa metabólica (VCO_2) y la temperatura corporal continuamente durante 16 horas. Los resultados sugieren que hay un efecto del tamaño de grupo sobre el tiempo de permanencia y duración del sopor, solo a 20°C. A menores temperaturas (10°C), no existiría efecto del agrupamiento sobre el ahorro energético. Entonces, se sugiere que el agrupamiento en *D. gliroides* podría ser una estrategia complementaria al sopor usada para minimizar el tiempo en este estado.

Fondecyt 3100144 y 1090423.

280. ¿QUÉ DETERMINA LA RESISTENCIA AL CONGELAMIENTO EN UNA ESPECIE ALTO-ANDINA: BAJAS TEMPERATURAS O SEQUÍA? (What rules the freezing resistance in a high Andean plant species: low temperature or drought?).

Sanfuentes, C., Sierra-Almeida, A., Cavieres, L. A.
Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Chile e Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

La resistencia al congelamiento está estrechamente relacionada con la temperatura a la que están expuestas las plantas. La sequía también podría afectar la resistencia al congelamiento, al desencadenar respuestas fisiológicas similares a la exposición a bajas temperaturas. En Andes de Chile central, las plantas experimentan bajas temperaturas y sequía al final de la estación de crecimiento. Se desconoce si existe un efecto sinérgico entre ambos factores o si alguno adquiere mayor importancia en la resistencia al congelamiento. Para evaluarlo, se expusieron plantas juveniles de *Phacelia secunda* J.F. Gmel. a condiciones térmicas e hídricas contrastantes para luego exponerlas a un evento de helada (-6°C). Se realizó un análisis térmico posthelada determinando punto de congelamiento (FP) y temperatura de nucleación (NT), midiéndose además desempeño fotosintético pre y posthelada. Las plantas expuestas a sequía fueron las que mejor toleraron congelamiento, independiente del régimen térmico al cual estaban creciendo. Plantas creciendo a bajas temperaturas recuperaron sus tasas de fotosíntesis tras el evento de congelamiento, independiente de su condición hídrica. En consecuencia, la sequía es la que mayormente aporta en la resistencia al congelamiento. No obstante la temperatura de crecimiento es importante en la recuperación de plantas sin sequía.

Agradecimientos: FONDECYT 1090389; F ICM P05-002; PFB-023.

281. VARIACIÓN DE RASGOS FOLIARES RELACIONADOS AL USO DE AGUA DE *AEXTOXICON PUNCTATUM* EN UN PAISAJE FRAGMENTADO (Variation of leaf traits related to water use of *Aextoxicon punctatum* in a fragmented landscape).

Canessa R.¹, Pérez M. F.^{1,2}, Armesto J.^{1,2}, Salgado B.^{1,2}

¹ CASEB, Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

La fragmentación de los bosques provoca un aumento del efecto borde, generando cambios en las variables abióticas del ecosistema. Las plantas pueden responder a esta variación modificando sus rasgos morfológicos y fisiológicos asociados al uso del recurso hídrico. El bosque relicto de Fray Jorge representa un buen modelo para el estudio de estas variaciones, pues se compone de fragmentos dependientes de neblina costera, lo que genera un gradiente de humedad dentro de cada fragmento. En este estudio, se evaluaron tres rasgos foliares (razón masa/área o LMA, densidad de estomas y densidad de tricomas) del árbol siempreverde *Aextoxicon punctatum*, en distintas zonas (barlovento, centro y sotavento) de cuatro fragmentos de distinto tamaño. Se encontraron diferencias significativas entre los fragmentos, y entre las distintas zonas de cada fragmento. Los fragmentos más grandes presentaron mayor diferenciación entre las zonas, en donde los individuos expuestos al frente de neblina y del centro del fragmento presentaron menor razón masa/área, densidad estomática y densidad de tricomas que aquellos ubicados en sotavento. Esto sugiere que las plantas pueden responder a

distintas condiciones ambientales, modificando ciertos rasgos funcionales para afrontar la limitación de agua.

Agradecimientos: CASEB, IEB, FONDECYT 1110929.

282. VARIACIÓN DE RASGOS FOLIARES DE ESPECIES ANUALES Y PERENNES DEL GÉNERO *NOLANA* EN UN GRADIENTE DE ARIDEZ (Leaf trait variation of annual and perennial species of the *Nolana* genus in a aridity gradient).

Orrego, F.¹, Pérez M. F.^{1,2,3}, Armesto J.^{1,2,3}, Ossa P. G.^{1,2,3}

¹ Pontificia Universidad Católica de Chile.

² Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad (CASEB).

³ Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

Una estrategia ecofisiológica utilizada por las plantas para enfrentar la escasez en recursos hídricos puede ser la modificación de la ubicación y densidad de sus estomas. En este trabajo se estudian las variaciones de rasgos foliares y estomáticos en dos especies anuales y una perenne del género *Nolana*, distribuidas en zonas costeras de Chile en un marcado gradiente de precipitaciones.

El estudio se realizó con muestras de individuos obtenidos en Caleta Hornos, Chigualoco y Quintay. Se analizaron tres hojas de tres individuos por cada localidad, a las que se les midió la densidad, tamaño estomático e índice de masa seca por área (LMA).

Los resultados muestran que la especie perenne tiene una menor densidad estomática que las especies anuales y sus estomas se ubican preferentemente en el lado abaxial. El LMA fue mayor en la especie perenne. Estos resultados permiten concluir que las plantas perennes compensarían la pérdida de agua con modificaciones estomáticas y las plantas anuales favorecerían el intercambio gaseoso por sobre la disminución de agua en los estomas.

Agradecimientos: Beca Conicyt n°24091079, FONDECYT n°1110929 CASEB, IEB.

283. EL ROEDOR SILVESTRE *OCTODON DEGUS*: ¿UN RESERVORIO COMPETENTE PARA LA TRANSMISIÓN DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS EN CHILE? (The wild rodent *Octodon degus*: a competent reservoir for Chagas disease transmission in Chile?).

Botto-Mahan, C.¹, Ramírez, P. A.¹, Bacigalupo, A.², Correa, J. P.², Oda, E.¹, Oda, E.¹ & Solari, A.³

¹ Departamento Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

² Departamento Ciencias Biológicas Animales, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

³ ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

La enfermedad de Chagas es una zoonosis causada por el parásito flagelado *Trypanosoma cruzi* y transmitido por insectos triatominos a varias especies de mamíferos. En el presente estudio evaluamos bajo condiciones naturales la sobrevivencia y tasa de infección por *T. cruzi* en el roedor silvestre *Octodon degus* proveniente de una zona hiperendémica de enfermedad de Chagas en Chile. La detección del parásito se realizó mediante ensayos de PCR en muestras de sangre de 90 individuos capturados en el verano 2010 y en aquellos negativos a *T. cruzi* recapturados un año después. Los resultados muestran que *O. degus* infectados tienen la misma probabilidad de sobrevivir que los no infectados a la siguiente estación reproductiva, observándose el mismo patrón cuando se analizan por separado hembras y machos. Sugerimos que *O. degus* podría ser considerado un importante reservorio nativo de *T. cruzi* en el ciclo silvestre de transmisión de la enfermedad de Chagas en Chile, especialmente considerando su extenso período de vida y capacidad de dispersión.

FONDECYT 11090086, 1085154, 1100339.

284. VARIACIÓN EN LA RESPUESTA ADRENOCORTICAL AL ESTRÉS DE CAPTURA Y MANIPULACIÓN EN DOS POBLACIONES DE RAYADITO (*APHRASTURA SPINICAUDA*) (Variation in the adrenocortical stress response to handling and restraint in two populations of the thorn-tailed rayadito (*Aphrastura spinicauda*)).

Venegas, C.¹, Wingfield J. C.², Vásquez R. A.¹

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

² Department of Neurobiology, Physiology, and Behavior, University of California-Davis, Davis, California.

Comparamos la respuesta adrenocortical del rayadito, *Aphrastura spinicauda* (Furnariidae), frente a un evento de estrés agudo en dos poblaciones de latitudes contrastantes, durante la época reproductiva. Realizamos series de estrés, consistentes en tres muestras de sangre obtenidas a los 0-3, 10 y 30 min, desde la captura. Se muestrearon 11 parejas de adultos en la población de Manquehue, Región Metropolitana (33°21'S) y 14 en Isla Navarino, Región de Magallanes y Antártica Chilena (54°56'S) donde las aves se enfrentan a un clima más severo durante todo el año, incluyendo la temporada reproductiva. Las muestras fueron analizadas mediante radio-inmuno-análisis (RIA). Los niveles de corticosterona fueron más altos en Manquehue que en Navarino (ANDEVA de medidas repetidas, $F = 23,781$; $P < 0,001$). No hubo diferencias entre sexos, lo cual estaría relacionado con la estrategia

reproductiva del rayadito, donde ambos padres participan equitativamente en el cuidado parental. Los resultados sugieren que poblaciones que se reproducen a altas latitudes con climas más severos han disminuido la actividad adrenocortical aumentando así las opciones de éxito reproductivo.

FONDECYT 1090794; ICM-P05-002; PFB-23-CONICYT.

285. EFECTO DE LA COMPOSICIÓN NUTRICIONAL DIETARIA SOBRE LA RESPUESTA INMUNE DEL ESCARABAJO *TENEBRIO MOLITOR* Y AJUSTES EN LA SELECCIÓN DE DIETA LUEGO DE UN DESAFÍO INMUNE (Effect of dietary nutritional composition on the immune response of *Tenebrio molitor* and adjustments in the selection of diet after an immune challenge).

Barceló, M., Catalán, T., Niemeyer, H., Kalergis, A., Bozinovic F. Departamento Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile.

El montaje de una respuesta inmune efectiva genera costos nutricionales y energéticos. Sin embargo, los mecanismos de compensación y ajuste de ingesta de alimentos en organismos enfrentados a una condición de infección aún no están claros. Frente a esto proponemos que el contenido nutricional de la dieta afectaría la respuesta inmune. En consecuencia, se estudió el efecto de la dieta con diferentes contenidos proteicos sobre diferentes rasgos de respuesta inmune y los ajustes de ingesta nutricional en larvas del escarabajo *Tenebrio molitor* desafiadas inmunológicamente con lipopolosacárido de *E. coli*. Observamos que la composición de la dieta tiene efectos sobre rasgos de respuesta inmune. En efecto, la actividad antibacteriana y el conteo de hemocitos total fueron mayores en larvas tratadas con dietas de alto contenido proteico. Además, las larvas desafiadas presentaron mayores tasas de ingesta de alimento y conductualmente seleccionaron dietas proporcionalmente más ricas en contenido proteico que las larvas controles. Estos resultados indicarían que en condiciones de infección, los organismos pueden ajustar la ingesta diferencial de nutrientes de manera que se favorezcan la generación de componentes inmunes y la adquisición energética.

FONDAP 1501-0001.

286. DISCONTINUIDAD RESPIRATORIA EN *AGATHEMERA CRASSA* (PHASMATODEA) Y SU ASOCIACIÓN CON LA TEMPERATURA AMBIENTE (Respiratory discontinuity in *Agathemera crassa* (Phasmatodea) and its association with environmental temperature).

Thienel, M. y Veloso, C.

Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. marthien@ug.uchile.cl, clveloso@uchile.cl.

En insectos se han descrito tres patrones de intercambio gaseoso: continuo, cíclico (IGC) y discontinuo (IGD), siendo los dos primeros de carácter ancestral y el tercero una novedad que habría aparecido en forma convergente en al menos cinco taxa. Se han propuesto seis hipótesis sobre el origen del IGD, siendo las más estudiadas la hídrica y la chthónica (hipoxia/hipercapnia). En este trabajo se analizó el patrón respiratorio a 10, 20 y 30°C de adultos de *Agathemera crassa*, un fásido altoandino de Chile central, cuya condición ambiental durante invierno es subnival (hipoxia/hipercapnia) y la de verano es xérica. Se determinó la producción de CO₂ utilizando un sistema de flujo continuo a 200 ml/h, por un período de 24 horas y ciclo L:O de 12:12 h. La aparición del IGD (sus 3 fases) solo ocurrió durante el período de reposo a 10 y 20°C en el 85% y 15% del total de individuos estudiados, respectivamente, observándose además, la modificación del ciclo a continuo durante el período de actividad. Los resultados se discuten en función del hábitat de la especie, lo que apoyaría la hipótesis chthónica, y en el contexto de ser el primer caso de IGD detectado en Phasmatodea.

Fondecyt 1080072.

287. RESPUESTA AL ESTRÉS DE *ZONOTRICHIA CAPENSIS* A DIFERENTES ALTITUDES (Stress response of *Zonotrichia capensis* at different altitudes).

Gutiérrez, V. L.¹, González-Gómez², P. L., Wingfield, J. C.², Vásquez, R. A.¹

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

² Department of Neurobiology, Physiology, and Behavior, University of California-Davis, Davis, California.

La respuesta al estrés ante cambios ambientales puede abarcar respuestas conductuales como fisiológicas. Desde el punto de vista fisiológico, se ha desarrollado el estudio de los cambios de concentración de hormonas indicadoras de situaciones de estrés, como los glucocorticoides. En aves, la corticosterona corresponde a una hormona de respuesta rápida a cambios del ambiente, como resultado de la modulación de la reacción adrenocortical al estrés agudo. Estas reacciones facultativas a perturbaciones ambientales permiten entender por qué algunas poblaciones están más adaptadas que otras y/o cómo responderían a cambios ambientales. Estudiamos la respuesta adrenocortical al estrés de captura del ave paseriforme *Zonotrichia capensis* (chincol), a lo largo de un gradiente de elevación. Las concentraciones de corticosterona plasmática fueron comparadas a los 0-3, 15 y 30 min desde la captura. Se estudiaron chincoles reproductivos de hábitat de baja (Picarquín, 600 ms.n.m) y alta altitud (Farellones, 2200 ms.n.m). Los resultados muestran que los diferentes ambientes ejercen un efecto en los niveles de estrés inducidos por la manipulación de las aves, en donde las aves de Picarquín aumentan más rápidamente su concentración de corticosterona.

FONDECYT 1090794, ICM-P05-002, PFB-23-CONICYT

288. REPETITIVIDAD DEL METABOLISMO ENERGÉTICO EN *OCTODON DEGUS* (Repeatability of energy metabolism in *Octodon degus*).

Saavedra, C.^{1,2}, Sabat, P.², Vásquez, R. A.¹

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad.

² Laboratorio de Ecofisiología, Depto. Cs. Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La repetitividad, como medida de la consistencia fenotípica de un rasgo, provee información útil respecto a la proporción de la varianza originada por diferencias inter e intraindividuales. Por ello, se evaluó la repetitividad de variables fisiológicas, realizando mediciones del consumo de oxígeno de 24 hembras y 22 machos adultos de una población de *Octodon degus* durante su período inactivo. Posteriormente se analizó la curva del consumo de oxígeno de cada individuo. Encontramos repetitividad para el rango de la tasa metabólica, para la desviación estándar y para el máximo consumo de oxígeno durante la medición. Sin embargo, no encontramos repetitividad para el promedio de la tasa metabólica ni para el metabolismo basal. Los resultados sugieren que para aquellas variables que presentan consistencia individual parte importante de la varianza sería explicada por diferencias entre individuos, como la respuesta conductual ante la manipulación o un ambiente nuevo como la cámara metabólica. Por otro lado en el caso de las variables no repetibles la varianza estaría explicada por factores externos, principalmente por el tiempo entre mediciones, el cual podría influir en el estado fisiológico de los animales.

FONDECYT 1090794, ICM-P05-002, PFB-23-CONICYT.

289. EXPRESIÓN RELATIVA DEL GEN *HSP70* EN JUVENILES DE INVERTEBRADOS MARINOS A LO LARGO DE LA COSTA DE CHILE (Relative expression of *Hsp70* gene in juveniles of marine invertebrates along the Chilean coast).

Arias, M. B., ²Poupin, M. J., ³Manríquez, P., ⁴Lagos, N., ⁵Torres, R.,

⁴Henríquez, B., ^{1,2}Lardies, M. A.

¹ Facultad de Artes Liberales.

² Facultad de Ingeniería-Universidad Adolfo Ibáñez.

³ Instituto de Biología Marina-UACH.

⁴ Facultad de Ciencias-UST.

⁵ CIEP-UACH.

El gradiente latitudinal en la costa de Chile se expresa en una variación gradual de la temperatura superficial del agua y del pH del océano resultando en zonas sumideros y de fugacidad de CO₂. Estos gradientes ambientales afectarían el desempeño de invertebrados que habitan la costa indicando potenciales zonas estresantes como las proyectadas hacia fines del siglo 21. Un rasgo sensible es la proteína HSP70, la cual es indicadora de estrés sistémico. El objetivo de este estudio fue identificar y cuantificar la expresión del gen *Hsp70* en *Concholepas concholepas* y *Perumytilus purpuratus*, en cinco localidades a lo largo de la costa de Chile. Mediante qPCR se cuantificó la expresión relativa del gen en las distintas poblaciones. Los resultados indican una mayor expresión del gen en las localidades al norte de los 33°S en comparación con las localidades al sur. Las especies muestran el mismo patrón de variación latitudinal, sin embargo, existen diferencias en la magnitud de las respuestas. Las poblaciones exhiben plasticidad y aclimatización en el rasgo estudiado que esta correlacionado con las variaciones ambientales de cada localidad.

FONDECYT 1090624, ANILLOS ACT-132

290. ESTRÉS OXIDATIVO INDUCIDO POR DESECACIÓN EN MACROALGAS: EFECTOS Y ROL EN LA DISTRIBUCIÓN DE LAS ESPECIES A ESCALA LOCAL Y GEOGRÁFICA (Oxidative stress by desiccation in seaweeds: effects and role at local and geographic scale on species distribution).

Contreras-Porcía, L.^{1,2}, Correa, J. A.², Tellier, F.³, Pohnert, G.⁴, Kube, M.⁵, Reinhardt, R.⁵, Callejas, S.⁶, Flores-Molina, M. R.⁷, López, C.^{1,2}, Thomas, D.^{1,2}, Sordet, C.², Guajardo, E.¹, Contreras, A.¹, Flores, V.², Lafuente, A.²

¹ Departamento de Ecología y Biodiversidad, UNAB, Santiago-Chile.

² Departamento de Ecología-CASEB, PUC, Santiago-Chile.

³ Facultad de Ciencias del Mar-CEAZA, UCN, Coquimbo-Chile.

⁴ Institute for Inorganic and Analytical Chemistry, FSU Jena, Jena-Alemania.

⁵ Max Planck Institute for Molecular Genetics, Berlin-Alemania.

⁶ Escuela de Biotecnología, UST, Santiago-Chile.

⁷ Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, UACH, Valdivia-Chile. lorettcontreras@unab.cl.

Uno de los factores que determinan el patrón de distribución de las especies es la desecación, resultado de la reducción importante en el contenido relativo de agua intracelular. Entre los organismos afectados por la desecación destacan las macroalgas de la zona intermareal, sometidas constantemente a cambios diarios en la disponibilidad de agua, asociados al nivel de marea y condiciones climáticas. A pesar de la importancia ecológica de las macroalgas, los efectos fisiológicos, moleculares y ecológicos causados por la desecación han sido escasamente estudiados. Estos efectos fueron abordados en el presente trabajo usando una aproximación multidisciplinaria, que permitió reconocer que la desecación genera alteraciones a nivel oxidativo, modificaciones fisiológicas, metabólicas y génicas, incluso afectando el desarrollo del ciclo de vida de las especies estudiadas. Como respuesta ecológica, se destaca el efecto que la desecación ejerce, a nivel local, sobre el patrón de distribución de las especies en la zona intermareal, y como factor modulador a nivel geográfico.

FONDECYT 11085019, 3110051 y 3110034, FONDAP 1501-0001 PROGRAMA 7, ICA, Marine Genomics Europe & Volkswagen Foundation.

ECOLOGÍA

291. ESTERASAS Y LIPASAS EN EL INTESTINO DELGADO DE AVES PASERIFORMES DE CHILE: FACTORES ECOLÓGICOS QUE AFECTAN SU VARIABILIDAD INTERESPECÍFICA (Esterases and lipases in the small intestine of passerines birds from Chile: ecological factors that affect their interspecific variability).

Narváez, C., Sabat, P.

Laboratorio de Ecofisiología Animal, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Los pesticidas son utilizados, muchas veces sin ningún tipo de control, para combatir las plagas agrícolas, y aunque son populares en el control de las plagas, son perjudiciales para los organismos no diana. Las carboxilesterasas (CbE) pueden ser utilizadas como biomarcadores puesto que son enzimas claves en la detoxificación de pesticidas, presentando una gran sensibilidad a estos compuestos. La lipasa es otra esterasa que puede tener un potencial uso como biomarcador, ya que su inhibición debido a pesticidas podría interrumpir la homeostasis lipídica. Nuestro objetivo fue establecer los valores estándar de CbEs y lipasas en el intestino delgado de seis especies de aves paseriformes con distintos hábitos alimentarios y examinar el efecto de la dieta y la masa corporal sobre la variación interespecífica de ambas esterasas. Nuestros resultados mostraron que los niveles de CbEs y lipasa fueron mayores en aves con dietas más diversas (generalistas) que aquellas especialistas (e.g., insectívoras). También se observó una correlación positiva y significativa de las actividades totales de CbE y lipasa con la masa corporal. Proponemos que estas enzimas podrían cumplir la función de una barrera bioquímica frente a la acción de los pesticidas.

Financiado por FONDECYT 1080077.

292. LA DETECTABILIDAD FLORAL MEDIA LA TOPOLOGÍA DE UNA RED PLANTA-POLINIZADOR (Flower detectability mediates a plant-pollinator network).

Medel, R.¹, Rivera-Hutinel, A.² & Schaefer, H. M.³

¹ Departamento Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

² Instituto de Entomología, Facultad de Ciencias Básicas, UMCE, Chile.

³ Department of Evolutionary Biology and Ecology, University of Freiburg, Germany.

Comprender los factores que determinan la arquitectura de la biodiversidad es uno de los objetivos principales de la ecología. La aplicación de la teoría de redes a la complejidad comunitaria ha indicado que las interacciones entre especies suelen ser anidadas, altamente asimétricas y heterogéneas en su contribución a la robustez comunitaria. La pregunta consecuente se refiere a los mecanismos que subyacen a estas regularidades. En este trabajo presentamos datos que indican por primera vez que la comunicación visual entre plantas y polinizadores dan cuenta de la estructura de una red mutualista de 198 especies muestreada durante 121 días en 2 años consecutivos. Mediante análisis de reflectancia y modelación visual observamos que la visita de los insectos aumenta con la detectabilidad de las flores y que las especies más conspicuas no solo reciben más visitas sino que contribuyen en mayor medida a la conectancia y robustez de la red. Como la comunicación representa la primera etapa de una interacción, que a menudo condiciona su resultado, sugerimos que análisis de comunicación debieran ser incorporados más ampliamente en teoría de redes planta-polinizador. ANILLO ACT 34/2006, DAAD, PSD66.

293. CONECTANDO LA ECOLOGÍA CON EL MANEJO DE HÁBITAT: EL MONITO DEL MONTE *DROMICIOPS GLIROIDES* COMO MODELO (Connecting ecology with habitat management: the monito del monte *Dromiciops gliroides* as a model).

Fontúrbel, F.¹ & Jiménez, J.²

¹ Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Department of Biology, University of North Texas.

El cambio de uso de la tierra es una de las principales amenazas a la biodiversidad, y los hábitats naturales están siendo degradados, fragmentados y eliminados rápidamente. Por ende, es prioritario el manejo y conservación de los hábitats remanentes, para lo cual es necesaria una política ambiental acorde. Las acciones de conservación referentes al bosque lluvioso templado austral se han abordado mayormente desde una perspectiva de especies, con poco énfasis a nivel de ecosistema. La información generada en este ámbito tampoco ha permeado en el desarrollo de políticas ambientales. Utilizamos el estudio de caso del monito del monte (*Dromiciops gliroides*) para ilustrar cómo el conocimiento de la ecología de una especie puede utilizarse en política ambiental. Esta es una especie dependiente del bosque, con un importante rol ecológico, y para garantizar su persistencia proponemos dos componentes de gestión del hábitat: (1) La estructura, que hace referencia al arreglo espacial y la presencia de elementos estructurales que determinan la calidad del hábitat. (2) La conectividad, se refiere a la conectividad funcional del paisaje. Debido a sus requerimientos de hábitat, al conservar al monito del monte, se conservarían también otras especies dependientes del bosque, las interacciones y los procesos ecoevolutivos, que determinan finalmente la conservación del bosque lluvioso templado.

294. PATRONES DE ABUNDANCIA Y USO DE NIDOS COLONIALES POR EL TRICAHUE: IMPLICANCIAS METODOLÓGICAS PARA EL MONITOREO POBLACIONAL (Patterns of abundance and colonial nests use by the Burrowing parrot: implications for population monitoring methodology).

Vargas, R. R.^{1,3}, Maldonado, K.^{1,3}, López-Morgado, N.¹, Cortés, A.¹ Squeo, F. A.^{1,2}

¹ Departamento de Biología, Universidad de La Serena, Chile.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Chile.

³ Instituto de Filosofía y Ciencias de la Complejidad (IFICC), Chile

En aves la variación en los patrones de actividad representa una información relevante en el entendimiento de la ecología, el desarrollo de técnicas de estudio y el manejo de especies amenazadas. Para el loro Tricahue (*Cyanoliseus patagonus bloxami*) no existen reportes sobre el patrón horario de la ocupación de los barrancos de nidificación, lo que podría generar un sesgo en el monitoreo de estas poblaciones. En este estudio se evaluó el patrón de abundancia diario y mensual de Tricahues en una de las loreras de nidificación más grande de la Región de Coquimbo. Se realizaron censos sucesivos durante el día, desde agosto 2010 a junio 2011. Se reporta la colonia con mayor abundancia de Tricahues para Chile (872 individuos), además de una gran variación diaria en el número de individuos. Los máximos registrados ocurrieron entre las 12 y las 14 hrs, disminuyendo hasta el abandono total de la lorera al atardecer (época no reproductiva). Generalmente los monitoreos poblaciones no reportan la hora de censo. El no considerar esta variación horaria

y mensual, generaría una incorrecta estimación del tamaño poblacional, por lo que sugerimos un método estándar de censo de Tricahues en Chile.

Fondo de investigación Compañía Minera Nevada.

295. ESTIMACIÓN DE PAREJAS REPRODUCTIVAS Y CARACTERIZACIÓN DE LOS NIDOS DE LORO TRICAHUE (Estimating breeding pairs and nest characterization in Burrowing parrots).

Maldonado, K.^{1,3}, Vargas, R.^{1,3}, López-Morgado, N.¹, Cortés, A.¹; Squeo, F. A.^{1,2}

¹ Departamento de Biología, Universidad de La Serena, Chile.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Chile.

³ Instituto de Filosofía y Ciencias de la Complejidad (IFICC), Chile.

El loro Tricahue (*Cyanoliseus patagonus bloxami*) utiliza barrancos para anidar. Se ha sugerido que el número de nidos en el barranco podría indicar el número de parejas reproductivas. En este estudio se examinó si el número de nidos en un barranco es equivalente al número de nidos activos en la época reproductiva 2010. Asimismo, debido a que la descripción de la historia natural del Tricahue se basa en la subespecie Argentina, *C. p. patagonus*, se caracterizaron sus nidos. Así, se evaluó la presencia de indicios de ocupación y se midieron los nidos con la ayuda de una cámara de fibra óptica. La profundidad promedio se encuentra en el rango reportado para *C. p. patagonus*, pero el valor promedio fue menor (0,92 m). Se ha descrito que los nidos de Tricahues son construidos en zigzag, sin embargo, en este estudio la proporción de nidos rectos (65%) fue significativamente mayor. Respecto al sustrato interior, la mayoría (88%) comprendieron tierra fina, siendo estos los que mostraron indicios de ocupación. Se estimó que el 70% de los nidos fueron utilizados en la época reproductiva 2010. Estos datos ayudarían a calibrar las estimaciones de parejas reproductivas a partir del número de nidos presentes en las loreras.

Fondo de investigación Compañía Minera Nevada.

296. IMPORTANCIA DE LOS PROCESOS ECOLÓGICOS EN LA ESPECIACIÓN: CONSERVADURISMO DE NICHOS VERSUS RADIACIÓN ADAPTATIVA (Importance of ecological process on species diversification: niche conservatism versus adaptive radiation).

Pérez, F.^{1, 2}, Ossa, G.¹, Albornoz, F.¹, Álamos, S.¹, Leiva, A.¹, Hinojosa, F.^{1, 2}.

¹ CASEB, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

² Instituto de Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Los procesos ecológicos pueden tener un papel central en el origen de nuevas especies. Casos sorprendentes de radiaciones adaptativas que muestran un acoplamiento entre especiación y diferenciación ecológica han sido documentados para varios grupos de organismos. En el caso de las plantas, estos suelen involucrar adaptaciones a distintos tipos de polinizadores o a distintas condiciones abióticas. Estudios recientes muestran, sin embargo, que estos casos serían excepcionales, y que los linajes tenderían más bien a retener sus características ecológicas, un fenómeno conocido como conservadurismo de nicho. En este trabajo se muestran datos para tres géneros, *Myrceugenia*, *Schizanthus* y *Chaetanthera*, que indican que los factores ecológicos tuvieron un papel importante en la diversificación de estos linajes. En el caso de *Schizanthus*, se muestran datos microsatelitales y ecológicos que sugieren que la adaptación a distintos polinizadores y especialmente la adquisición de autogamia habría promovido la aparición de barreras al flujo génico entre poblaciones y la diversificación del género. En el caso de *Myrceugenia* y de *Chaetanthera*, se muestran patrones evolutivos de rasgos ecofisiológicos que sugieren que la diversificación de estos linajes estuvo acompañada de cambios en las tolerancias ecológicas.

Agradecimientos: IEB, CASEB, Fondecyt 1110929.

297. ¿SON LOS POLINIZADORES LOS QUE EFECTIVAMENTE INTEGRAN RASGOS FLORALES? EL CASO DE ALSTROEMERIA LIGTU (ALSTROEMERIACEAE) EN UN GRADIENTE LATITUDINAL (Do pollinators effectively integrate floral traits? A case of *Alstroemeria ligtu* (Alstroemeriaceae) in a latitudinal gradient).

Murúa, M.¹, Pérez, F.^{2, 3}, Medel, R.¹ & González, A. V.¹

Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

CASEB, Pontificia Universidad Católica de Chile.

IEB, Universidad de Chile.

Los polinizadores pueden generar fuerzas selectivas que afectan la magnitud y patrón de integración del fenotipo floral. En principio, diferencias interpopulacionales en los ensamblajes de polinizadores podrían producir diferentes patrones de covariación de rasgos florales entre poblaciones. No obstante, otros factores también podrían dar cuenta de dicha covariación. En este estudio estimamos la magnitud y el patrón de integración floral en seis poblaciones de *Alstroemeria ligtu* y examinamos su relación con la diversidad y composición de polinizadores, y con variables ambientales. Los resultados indican que la magnitud de la integración difiere entre las poblaciones, pero esta no se asocia con la riqueza ni la diversidad de polinizadores. Por el contrario, el nivel de integración disminuyó con la temperatura mínima y la temperatura media anual. El patrón de integración fue el mismo

para todas las poblaciones y no se asoció con los polinizadores ni con variables climáticas. Nuestros resultados no soportan la hipótesis de que la integración floral en *A. ligtu* está mediada por los polinizadores. Probablemente, restricciones genéticas y otras fuerzas ambientales podrían explicar los patrones de integración floral en *A. ligtu*.

Agradecimientos: PBCT/PSD-66, VID I 09/07-2(AG)

298. EFECTOS DIRECTOS E INDIRECTOS DEL COBRE SOBRE DOS ESPECIES DE MICROALGAS PRESENTES EN UNA COMUNIDAD ACUÁTICA EXPERIMENTAL

(Direct and indirect effects of copper exposure on two microalgal species present in an experimental aquatic community).

Heine-Fuster, I., González-Barrientos, J., Fernández-González M. & Ramos-Jiliberto, R.

Centro Nacional del Medio Ambiente. Universidad de Chile

Los contaminantes en las comunidades naturales afectan a las especies directamente como también por vías indirectas. Los efectos indirectos causados por contaminantes afectan a los organismos a través de otras poblaciones que están ecológicamente relacionadas. El objetivo de este estudio es evaluar los efectos directos e indirectos de la exposición al cobre sobre la tasa de crecimiento poblacional de dos especies de microalgas presentes en una comunidad experimental compuesta por *Chlorella vulgaris* y *Pseudokirchneriella subcapitata* (microalgas) y los herbívoros *Daphnia ambigua* y *Ceriodaphnia dubia*. Además se determinó la importancia de cada herbívoro como transmisor de efectos indirectos sobre las algas. La magnitud de los efectos indirectos causados por cobre sobre la tasa de crecimiento de las microalgas superó la magnitud de los efectos directos. Los efectos indirectos del cobre sobre *P. subcapitata* fueron transmitidos primordialmente por *D. ambigua*, mientras que para *C. vulgaris* estos fueron transmitidos por ambas especies de herbívoros. Este estudio proporciona nuevas evidencias sobre las respuestas al cobre de los sistemas dulceacuicolas y sugiere que los efectos indirectos de los contaminantes juegan un rol fundamental en la dinámica comunitaria.

Agradecimientos: Beca CONICYT, Fondecyt 1090132.

299. EFECTOS DIRECTOS E INDIRECTOS DEL COBRE SOBRE LOS HERBÍVOROS EN UN ENSAMBLE PLANCTÓNICO EXPERIMENTAL (Direct and indirect effects of copper on herbivores in an experimental planktonic assemblage).

González-Barrientos, J.; Fernández-González, M.; Heine-Fuster, I.; Ramos-Jiliberto, R.
Centro Nacional del Medio Ambiente, Fundación de la Universidad de Chile.

Los contaminantes pueden afectar a las especies de una comunidad no solo directamente, sino que también por vías indirectas. Los efectos indirectos solo se expresan en un contexto multiespecífico, cuando algunos organismos son afectados por los efectos que los contaminantes ejercen sobre otras especies que están ecológicamente relacionadas con los primeros. Usualmente solo se evalúan los efectos directos de los contaminantes sin considerar la contribución de los efectos indirectos, los cuales pueden aumentar, disminuir o anular los efectos directos. El objetivo de este trabajo es evaluar comparativamente la dirección y magnitud de los efectos directos e indirectos del cobre sobre los microcrustáceos *Daphnia ambigua* y *Ceriodaphnia dubia*, dentro de un ensamble experimental de 4 especies. Adicionalmente, se descompusieron los efectos sobre la tasa de crecimiento poblacional en efectos parciales sobre tasas de natalidad y mortalidad, representando efectos no letales y letales respectivamente. En general, se observó que los efectos indirectos tuvieron una magnitud similar a la de los efectos directos, pero con una dirección opuesta. Los resultados también sugieren que los efectos sobre *D. ambigua* estarían gobernados principalmente por cambios en la tasa de natalidad mientras que en *C. dubia* por cambios en la tasa de mortalidad.

Investigación financiada por FONDECYT 1090132.

300. EFECTOS POBLACIONALES DE LA SENSIBILIDAD ESTADO-ESPECÍFICA A CONTAMINANTES EN DAPHNIA MAGNA (Populational effects of stage-specific sensitivity to pollutants in *Daphnia magna*).

Reyes, C. A.; González-Barrientos, J.; Ramos-Jiliberto, R.
Centro Nacional del Medio Ambiente, Fundación de la Universidad de Chile.
Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Gran parte del trabajo ecotoxicológico se ha centrado en la identificación de los efectos de los contaminantes sobre atributos de nivel individual, como la sobrevivencia, el desarrollo y la reproducción. Sin embargo, estas respuestas pueden diferir durante la ontogenia de los organismos, lo que finalmente puede modular los atributos más relevantes ecológicamente como son el crecimiento, la abundancia y la persistencia poblacional. Nuestro objetivo fue estimar los efectos a nivel poblacional de la exposición a pulsos de contaminante mediante la implementación y análisis de un modelo poblacional estado-estructurado en el cual la sensibilidad de los organismos al contaminante es estado-específica. Se determinó el nivel de contaminante necesario para producir la extinción poblacional considerando impactos sobre las tasas de a) sobrevivencia, b) de desarrollo y c) de consumo de recursos, para diferentes escenarios de productividad. Nuestros resultados mostraron mayores efectos del contaminante sobre la persistencia poblacional cuando el desarrollo fue más sensible en los neonatos que en los adultos. La población no respondió significativamente a las variaciones en la sensibilidad estado-

específica cuando la sobrevivencia y el consumo fueron afectados. Además, el aumento en la productividad del recurso generó una disminución de la persistencia de la población expuesta al contaminante.

Investigación financiada por FONDECYT 1090132.

301. CONTAMINACIÓN ATMOSFÉRICA EN LA CIUDAD DE OSORNO: UNA APROXIMACIÓN A SU DINÁMICA Y EFECTOS SOBRE LA SALUD PÚBLICA (Air pollution in Osorno city: an approach to its dynamic and effects on public health).

Cursach, J. A.¹, Rau, J. R.¹, Díaz, F.², Millaguín, C.³ y Tobar, C. N.¹
¹ Programa de Magíster en Ciencias & Laboratorio de Ecología, Universidad de Los Lagos, Casilla 933, Osorno, Chile.
² Laboratorio de Astacología, Universidad de Los Lagos, Casilla 933, Osorno, Chile.
³ Subunidad de Aire, Servicio de Salud Osorno, Manuel Rodríguez 751, Osorno, Chile.

En los últimos años, Osorno (40°34' S; 73°08' O) ha sido considerada la tercera ciudad con mayor nivel de contaminación atmosférica en Chile. Durante enero 2009 y febrero 2010 se registraron de forma puntual (cada una hora) las concentraciones de MP 10, MP 2,5, temperatura del aire, precipitaciones y velocidad del viento en la ciudad. De forma paralela, se obtuvo el número de atenciones y causas de urgencia del Hospital Base de dicha ciudad. En total se registraron 37 episodios de MP 10 sobre la norma (150 µg/m³). Las concentraciones de MP 10 y MP 2,5 se correlacionaron positivamente, mientras que ambas concentraciones se correlacionaron negativamente con las variables temperatura y velocidad del viento. Pese a no registrarse una correlación negativa significativa entre las concentraciones de MP 10 y MP 2,5 con la variable precipitaciones, el 92% de los episodios sobre la norma se presentaron en días sin precipitación. Se observó una correlación positiva entre las concentraciones de MP 10 y MP 2,5 con el número de atenciones hospitalarias por influenza y neumonía. Las condiciones meteorológicas naturales imperantes en Osorno (alta pluviosidad y vientos moderados), permiten aminorar (servicio ecosistémico) la excesiva contaminación atmosférica que posee la ciudad. Existen claros antecedentes para decretar a Osorno como zona saturada de contaminación.

Agradecimientos al proyecto 10-091-2011 (FPA-MMA), Gobierno de Chile.

302. EFECTOS DE LA HERBIVORÍA FLORAL SOBRE EL ÉXITO REPRODUCTIVO DE LAS PLANTAS: UN METAANÁLISIS (Effects of floral herbivory on plant reproductive success: a meta-analysis).

González-Browne, C., Murúa, M., & Medel, R.
Laboratorio de Ecología Evolutiva, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Es bien conocido que las plantas sufren una reducción en éxito reproductivo como consecuencia de la herbivoría floral. Sin embargo, tales efectos son de variada dirección y magnitud, lo cual impide extraer generalizaciones válidas respecto a los factores que modulan el resultado neto de la interacción. El objetivo principal de este trabajo fue examinar el efecto de la florivoría sobre el éxito reproductivo de las plantas e identificar posibles variables moderadoras de la interacción. Nuestros resultados indican que la florivoría tiene globalmente un efecto significativamente negativo de mediana magnitud, que es modulado por el sistema de apareamiento, la forma de vida de las plantas, y por su proveniencia. Mientras el impacto de la florivoría sobre las especies nativas y endémicas fue negativo, indicando que los herbívoros florales reducen su éxito reproductivo, la respuesta de las especies exóticas al daño floral fue variable y sin una direccionalidad clara. Estos resultados sugieren que algunas características propias de las especies de plantas, así como su proveniencia deben ser consideradas para comprender las consecuencias reproductivas de la interacción en poblaciones naturales.

Proyecto ACT 34/2006, PSD66.

303. NÚMERO DE SEÑALES FLORALES Y POLINIZACIÓN EN *MIMULUS LUTEUS* (Number of flower signals and pollination in *Mimulus luteus*).

Cares-Suárez, R., Esterio, G., Salinas, P., Candia, A., González-Browne, C., Medel, R.
Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago.

Mimulus luteus es una hierba perenne, cuyas flores poseen una conspicua mancha roja que se ubica generalmente en el pétalo inferior. Sin embargo, esta señal floral puede también estar presente en otros pétalos e incluso estar completamente ausente en la corola. En este trabajo examinamos la correspondencia entre el número de manchas por flor y la tasa de visita de polinizadores en la localidad de Juncal, V Región. Se detectaron seis fenotipos diferentes en la población, de los cuales un 67% correspondió a flores con una única mancha en el pétalo de aterrizaje. Las especies de polinizadores más frecuentes en el sitio fueron *Centris nigerrima* y *Megachile saulcyi*, quienes visitaron flores con una única señal en una frecuencia mayor que la esperada por azar. Como el volumen de néctar fue ligeramente superior en flores con más de una mancha, los resultados sugieren ventajas adicionales a la selección de flores con una sola señal. La preferencia por flores con una señal promueve el entrecruzamiento de flores de un mismo fenotipo floral aumentando desproporcionadamente la frecuencia de este fenotipo en la población.

ACT34/2006/PSD-66.

304. DINÁMICA ESPACIAL Y TEMPORAL DEL PAISAJE EN LOS BOSQUES TEMPLADOS DE LA REGIÓN DE LA ARAUCANÍA

Miranda, A. Altamirano, A. Pincheira, F.
Departamento de Ciencias Forestales Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales Universidad de La Frontera.

Los bosques templados de Chile se encuentran sometidos a fuertes procesos de cambio debido a la acción antrópica. El estudio de los patrones de cambio del paisaje es esencial para entender los procesos ecológicos producto de la deforestación y degradación de ecosistemas forestales. En el presente estudio se evaluó el cambio en la estructura del paisaje y la deforestación entre los años 1973 y 2008. Se utilizaron imágenes satelitales cubriendo tres períodos. En el estudio se comparan los patrones de cambio de tres áreas biogeográficas de la región de La Araucanía: cordillera de la Costa, valle central y cordillera de los Andes. Los resultados reflejan diferencias importantes en la intensidad del proceso de deforestación y fragmentación entre las tres áreas, con una deforestación tres veces mayor en la cordillera de la Costa que en los Andes. La sustitución por plantaciones forestales y habilitación de terrenos para la agricultura han modificado la estructura espacial de los bosques nativos. Esto se refleja en un fuerte proceso de fragmentación y pérdida de bosque en la cordillera de la Costa, gran pérdida de parches remanentes en el valle central, dejando núcleos aislados de bosque en áreas inaccesibles o en áreas protegidas de la cordillera de los Andes. La variabilidad espacial de los cambios refleja la dependencia de la intensidad de los procesos de deforestación y fragmentación, a la accesibilidad y potencial comercial de las áreas cubiertas por bosque nativo.

305. MODELANDO EL COMPROMISO PESO Y NÚMERO DE SEMILLAS EN POBLACIONES DE PLANTAS (Modeling the trade-off seed size and seed number in plant populations).

Zamorano D. & Bustamante R. O.
Facultad de Ciencias, Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile.

El compromiso peso número de semilla es un tema central en ecología evolutiva. Frente a escasez de recursos, la selección natural favorecería a las hembras que optimizan el uso de energía produciendo pocas crías grandes o muchas crías pequeñas. En plantas, el tamaño de las semillas tiene un componente hereditario determinado por condiciones ambientales, mientras que el número es un atributo más flexible, dependiente de la disponibilidad energética individual. La asignación de energía a semillas puede variar individualmente, haciendo interesante examinar su expresión a nivel poblacional. Se presenta un modelo probabilístico que predice los promedios y las varianzas de tamaño y número de semillas, frente a variados escenarios de estrés ambiental y asignación energética. El modelo se contrastó usando 19 poblaciones de *Eschscholzia californica*, planta invasora de California y de amplia distribución en Chile Central. El tamaño de las semillas promedio disminuyó bajo condiciones de precipitaciones y temperaturas intermedias, mientras que la cantidad de semillas producidas aumentó al junto con las precipitaciones. Así, las condiciones ambientales que seleccionan el tamaño de semilla, son distintas a las que favorecen la disponibilidad de recursos para la reproducción.

Financiado por proyecto FONDECYT 1100076 e ICM – P05 – 002.

306. CRECIMIENTO Y SOBREVIVENCIA DE DOS ESPECIES DE CACTÁCEAS COLUMNARES EN CHILE SEMIÁRIDO (Growth and survival of two columnar cactus species in semiarid Chile).

Cares, R. A.¹, Medel R.¹, García, M. B.², Botto-Mahan, C.¹

¹ Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Chile.

² Instituto Pirenaico de Ecología, CSIC, España.

Echinopsis chiloensis y *Eulychnia acida* son dos especies de cactáceas columnares endémicas que habitan zonas áridas y semiáridas de Chile. Actualmente se desconocen los factores que afectan las primeras etapas del reclutamiento de estas especies en poblaciones naturales. En sistemas áridos, algunas especies de arbustos funcionan como nodrizas, proporcionando sombra a las plántulas de cactus, reduciendo así su evapotranspiración y mortalidad. En este estudio, se determinó la tasa de crecimiento y sobrevivencia de juveniles de ambas especies de cactáceas (<30 cm de altura) mediante monitoreos semestrales entre 2009-2011. Para cada juvenil se caracterizó el microhábitat de reclutamiento (abierto/bajo arbusto) identificándose la especie de arbusto involucrada. Cada microhábitat de reclutamiento fue caracterizado por su temperatura mínima, máxima y promedio, humedad relativa, y análisis de suelos. Se detectaron diferencias significativas en la temperatura media y máxima entre los microhábitats. Sin embargo, las especies tuvieron una sobrevivencia y tasa de crecimiento similar. Globalmente, la tasa de crecimiento difirió entre años para ambas especies, lo cual aparentemente se asocia a variación en la precipitación y temperatura anual. Estos resultados indican que los arbustos tendrían un papel importante en la germinación de las semillas más que en la tasa de crecimiento y sobrevivencia de las cactáceas juveniles.

UChile/CSIC, PSD/66.

307. ¿EXISTEN COSTOS DE FACILITACIÓN PARA LARETIA ACAULIS? (Is there any cost to facilitate plants for *Laretia acaulis*?).

García, C. & Cavieres, L. A.

Departamento de Botánica - Universidad de Concepción e Instituto de Ecología y Biodiversidad.

La facilitación es una forma de interacción que ocurre cuando una especie se beneficia en presencia de su vecino (facilitador). Poco se sabe de los costos que implica esta interacción para el facilitador ya sea en crecimiento o reproducción. En los Andes de Chile central la planta en cojín *Laretia acaulis* es conocida por poseer esta característica. Se evaluó la reproducción (número de inflorescencias e infrutescencias) como una medida de su *fitness* en presencia de distinto número e identidad de especies albergadas, para 50 individuos del cojín a los 2.800 y a los 3.200 m de altitud. Los resultados muestran que el número de inflorescencias no presentan una relación con la cobertura de especies albergadas por el cojín, lo cual indicaría que no se reflejan costos.

Programa MECESUP UCO0708; FICM PO5-002; PFB-023 CONICYT.

308. FENOLOGÍA REPRODUCTIVA, DISPERSIÓN Y SOBREVIVENCIA DE FRUTOS EN POUTERIA SPLENDENS (A.D.C.) O.K. (Reproductive phenology, fruit dispersal and survival in *Pouteria splendens*).

Sotes, G.^{1,3}, Bustamante, R.^{2,3} & Henríquez, C. A.⁴

¹ Departamento de Botánica, Universidad de Concepción.

² Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile.

³ Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

⁴ Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

Pouteria splendens (A.D.C.) O.K., lúcumo silvestre, es una especie endémica y la única representante nativa de la familia Sapotaceae en Chile. Está catalogada como "En Peligro", reportándose solo 5 poblaciones naturales ubicadas entre la IV y V Región. Estas poblaciones presentan una regeneración muy limitada o ausente. Estudios que se centren en la historia natural de esta especie pueden por lo tanto contribuir a su conservación. En este contexto se estudió la fenología reproductiva, dispersión y sobrevivencia de frutos de *P. splendens* en condiciones naturales. Se realizó un seguimiento de plantas y frutos desde el surgimiento de los primeros botones florales (septiembre 2007 a abril 2008). Desde septiembre a febrero se registró un incremento en la producción de botones florales, flores y frutos, decayendo hacia marzo. La máxima producción de frutos ocurrió en febrero, seguida por la dispersión que duró hasta abril. La mayoría de los frutos cayó directamente bajo las plantas madres, lo que indica una capacidad de dispersión muy limitada. La sobrevivencia de semillas fue similar bajo y fuera del dosel, y solo en presencia de hojarasca se alcanzó una mayor sobrevivencia.

Agradecimientos: Beca Doctorado CONICYT (G. Sotes), IEB-P02-051-ICM y Universidad Andrés Bello.

309. RESPUESTA ADAPTATIVA DE LA PRESA PROMUEVE LA BIODIVERSIDAD EN AMBIENTES CONTAMINADOS (Adaptive prey responses promotes biodiversity in polluted environments).

Urbani P.¹, Garay-Narváez L.¹, Flores J. D.², Arim M.³, Ramos-Jiliberto R.¹

¹ Centro Nacional del Medio Ambiente. Universidad de Chile.

² Department of Mathematics, University of South Dakota, USA.

³ Departamento de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de la República; Centro Universitario Regional Este; CASEB.

Los cambios adaptativos en rasgos fenotípicos en respuesta al riesgo de depredación juegan un rol clave en la estabilidad de las comunidades ecológicas. Sin embargo, los estudios realizados a la fecha comúnmente consideran a las comunidades en ambientes prístinos, cuando en realidad muchos ecosistemas están o podrán estar siendo perturbados por contaminantes. Los efectos generados por la exposición a contaminantes se transmiten dentro de la comunidad a través de las relaciones tróficas entre especies. Esto puede conducir a la concentración del contaminante en los niveles tróficos más altos, generando extinciones en especies tope. Entonces, hipotetizamos que la regulación de la magnitud de interacciones que genera el comportamiento adaptativo puede ser clave en la persistencia de las especies en una comunidad expuesta a contaminantes. En base al análisis de la dinámica de redes modelo, nuestros resultados indican que el comportamiento adaptativo promueve cadenas tróficas más largas dentro de una red ecológica expuesta a contaminantes y que este efecto es generado a partir de la disminución en el flujo ascendente de contaminante a través de las relaciones tróficas.

Financiamiento: Beca CONICYT; FONDECYT/1090132.

310. RELACIÓN COMPLEJIDAD-ESTABILIDAD EN SISTEMAS ECOLÓGICOS PERTURBADOS (Complexity-stability relationship in perturbed ecological systems).

Garay-Narváez, L.¹, Ramos-Jiliberto, R.¹, Arim, M.², Flores, J.³

¹ Centro Nacional del Medio Ambiente, Santiago, Chile.

² Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; CASEB, Santiago, Chile.

³ Department of Mathematics, University of South Dakota, SD, USA.

El debate complejidad-estabilidad se ha desarrollado considerando sistemas prístinos, sin embargo en la actualidad los sistemas están sometidos a diversas perturbaciones. Un importante agente de perturbación son los contaminantes químicos. Algunos contaminantes se acumulan en el tejido de los organismos y pueden ser transportados a través de las relaciones tróficas. En este trabajo estudiamos cómo la relación entre la complejidad (conectancia y riqueza) y la estabilidad (persistencia de especies) de una comunidad se modifica al incorporar un contaminante bioacumulable al sistema. Para el análisis se generaron redes tróficas utilizando el modelo de nicho y para describir la dinámica se utilizó un modelo bioenergético. Se encontró que en ambientes contaminados tanto la relación de la conectancia-persistencia como la relación riqueza-persistencia se ven modificadas respecto de lo observado para un sistema sin contaminante. Este trabajo constituye un avance en la comprensión de cómo componentes estructurales de las redes ecológicas pueden afectar de distinta forma el funcionamiento de las comunidades, en función de la presencia de un contaminante.

Financiamiento: Becas CONICYT y MECESUP; FONDECYT/1090132.

311. IMPACTO DEL CAMBIO DE USO DEL SUELO EN EL HÁBITAT DE POBLACIONES REMANENTES DE *FITZROYA CUPRESSOIDES* EN LA DEPRESIÓN INTERMEDIA DEL SUR DE CHILE ENTRE LOS AÑOS 1976 Y 2007 (Impact of land use change in the habitat of remnants populations of *Fitzroya cupressoides* at the Central Depression southern of Chile, between the years 1976 y 2007).

Rodríguez, J.^a; Echeverría, C.^a; Nahuelhual, L.^b; Medina, N.

^aUniversidad de Concepción. ^bUniversidad Austral de Chile.

Trece poblaciones de *Fitzroya cupressoides* fueron reportadas en remanentes de bosque nativo en la Depresión Intermedia, lugar donde se pensó estaban extintas por sobreexplotación. Se evaluó, mediante imágenes satelitales, el hábitat de cuatro de las trece poblaciones de *Fitzroya* y los remanentes de bosque en que se encontraban entre 1976 y 2007. Se registró en cada población el diámetro a la altura del pecho (DAP) y la regeneración de *Fitzroya*. La pérdida de bosque con presencia de *Fitzroya* fue del 50,5% y de hábitat de la especie del 69%. Tres de las cuatro poblaciones registraron viabilidad en el tiempo (>50,5% de los árboles con DAP >5<25 cm y promedio de 2.745 individuos/ha en regeneración). El bosque nativo estuvo sometido a una reducción de su superficie, lo cual implicó pérdida de hábitat de *Fitzroya* debido a la fragmentación generada por el cambio de uso del suelo. Se necesitan urgentes planes de conservación para las tres poblaciones que registraron viabilidad en el tiempo, estos deberán considerar la configuración actual del paisaje.

Patrocinio: Marcela Bustamante.

Agradecimientos: Proyecto Fondecyt 1085077.

312. DESARROLLO DE UN BOSQUE SIEMPREVERDE LUEGO DE UN DISTURBIO ALÓGENO DE GRAN ESCALA EN LA RESERVA COSTERA VALDIVIANA (Forest development of an evergreen forest after a broad-scale exogenous disturbance in the Valdivian Coastal Reserve).

Ortega-Jiménez, S.¹, González, M. E.²⁻³ y Lara, A.².

¹ Escuela de Graduados. Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile.

² Laboratorio de Ecología de Bosques, Instituto de Silvicultura. Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile. Valdivia, Chile.

³ Patrocinador.

Es importante comprender los procesos ecológicos que afectan a los ecosistemas forestales para tomar decisiones correctas en su manejo. El presente estudio preliminar tuvo como objetivo comprender el efecto de un disturbio en un bosque siempreverde en la Reserva Costera Valdiviana (39°59'20"S y 73°34'00"O). La caracterización del rodal, en términos estructurales y composicionales, se realizó en parcelas de 500 m². Tarugos de incremento fueron colectados para *Drimys winteri* y *Nothofagus nítida*, con los cuales fue posible determinar las fechas de establecimiento del rodal postdisturbio. Para *Podocarpus nubigena* y *Saxegothaea conspicua*, se analizaron periodos de liberaciones. Los resultados preliminares sugieren que el rodal fue afectado por un volteo por viento de gran magnitud en la década de 1840-50 lo que generó las condiciones para que las especies *D. winteri* y *N. nítida* se establecieran en un lapso de 80 a 90 años. En el caso de *S. conspicua*, algunos individuos sobrevivieron al disturbio, comenzando a establecerse en el rodal en la década de 1900.

Agradecimientos: Escuela de Graduados; DID-UACH.

313. ESTRUCTURA Y DINÁMICA DE BOSQUES MIXTOS DE ARAUCARIA ARAUCANA Y NOTHOFAGUS PUMILIO AFECTADOS POR INCENDIOS EN EL PARQUE NACIONAL VILLARRICA, CHILE (Structure and dynamics of *Araucaria araucana* and *Nothofagus pumilio* mixed forests affected for fires in Villarrica National Park, Chile).

Romero-Mieres, M.¹, González, M. E.² Becario CONICYT. Escuela de Graduados. Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile. maromero@uct.cl² Laboratorio de Ecología de Bosques, Instituto de Silvicultura. Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile. maurogonzalez@uach.cl. Patrocinador.

El presente estudio tuvo como objetivo analizar la estructura y dinámica de bosques mixtos *A. araucana*-*N. pumilio* afectados por incendios en el Parque Nacional Villarrica (39°20'S-71°22'O). En la ladera norte del volcán Lanin, se establecieron 10 parcelas permanentes anidadas de 20x50 m, donde se registró y colectó información composicional-estructural del bosque (individuos > 5 cm Dap). Los resultados preliminares indican que *A. araucana* presenta una estructura heteroeténea irregular, con moderados pulsos de establecimiento en respuesta al fuego, durante los últimos 400 años. *N. pumilio* presenta una estructura coeténea, en parches, derivada principalmente de incendios catastróficos de alta severidad, con pulsos de establecimiento postfuego entre 1860 y 1940 aproximadamente, coincidiendo con incendios registrados para el sitio en los últimos 120 años. Estos resultados indican el importante rol del fuego en la dinámica de estos bosques y la adaptación y capacidad de respuesta de las principales especies a este proceso ecológico.

Agradecimientos: Escuela de Graduados Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, UACH, FUME (N° 243888).

314. CARACTERIZACIÓN DE RELICTO DE BOSQUE NATIVO CON PRESENCIA DEL HONGO ECTOMICORRÍCICO COMESTIBLE BOLETUS LOYO PHIL. EX SPEG (Characterization of a relict native forest containing the edible ectomycorrhizal fungi *Boletus loyo* Phil. ex Speg).

Sepúlveda J.¹, Pereira, G.¹ & Novoa P.¹ & Atala C.¹

¹ Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, Campus Los Angeles, UdeC.

Los hongos comestibles son recursos forestales no madereros de importancia ecológica, económica y cultural. A pesar de su relevancia, en Chile son escasamente conocidos. Entre estos se encuentra el hongo *Boletus loyo* (Basidiomycete), que tiene gran demanda en los mercados locales por sus propiedades culinarias. *Boletus loyo* se asocia comúnmente a especies de *Nothofagus*, sin embargo, de acuerdo a observaciones realizadas en la Región del Biobío, asociaciones con otras especies vegetales podrían ser importantes para su fructificación. El lugar de estudio corresponde a un relictos de bosque nativo ubicado en la cordillera de la Costa, comuna de Santa Juana, provincia de Concepción, Región del Biobío; en donde por años se ha recolectado esta especie. Para caracterizar la vegetación se realizaron transectos registrándose la frecuencia de las especies arbóreas, arbustivas y trepadoras en los diferentes estratos. El estrato superior está dominado por *Nothofagus obliqua*, *Cryptocarya alba*, *Gevuina avellana* y *Aextoxicon punctatum*, con gran abundancia de trepadoras y semitrepadoras como *Lapageria rosea*, *Herrera*

stellata y *Chusquea quila*. En el estrato inferior se encuentra gran abundancia de *Ugni molinae* y *Sophora macrocarpa*. Las especies acompañantes de *N. Obliqua* en los diferentes estratos juegan un rol fundamental para la fructificación de *Boletus loyo*.

315. REGENERACIÓN POR NUCLEACION EN UN BOSQUE TEMPLADO LLUVIOSO DE CHILE (Nucleated Regeneration in a Temperate Rainforest in Chile).

Albornoz, F.^{1,2}, Gaxiola, A.^{1,2}, Seaman, B.^{1,2}, Armesto, J.^{1,2}

¹ Centro de Estudios Avanzados en Ecología & Biodiversidad, Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile.

² Instituto de Ecología & Biodiversidad, Chile.

El proceso de regeneración por nucleación considera la presencia de una matriz parchosa de vegetación en donde los parches facilitan el establecimiento y crecimiento de especies vegetales y la subsecuente expansión de los parches. En la isla de Chiloé evaluamos la presencia de un patrón de nucleación en la regeneración postincendio del bosque templado. En 120 parches (0.12m²-114m²) medimos riqueza y abundancia y altura de especies arbóreas con dispersión por ave y viento. Asimismo, medimos variables del suelo y radiación solar fuera y dentro de los parches.

Encontramos que la riqueza aumenta con el tamaño de parche, y la abundancia de especies con dispersión por ave incrementa con la altura de los árboles (efecto percha). Sin embargo, la riqueza de especies con dispersión por viento incrementa con el tamaño de parche (facilitación). Esto, posiblemente porque las condiciones abióticas y de radiación solar son más favorables dentro que fuera de los parches. En este estudio reportamos, por primera vez, un proceso dinámico de regeneración por nucleación con un incremento de especies con dispersión por ave con árboles altos y un incremento de especies con dispersión por viento en parches con mejores condiciones abióticas.

Fondecyt-FONDAP 1501-0001, Iniciativa Científica Milenio P05-002 y CONICYT PFB23.

316. RIQUEZA Y ABUNDANCIA DE HELECHOS EPÍFITOS EN UN GRADIENTE SUCESIONAL EN UN BOSQUE TEMPLADO LLUVIOSO DEL SUR DE CHILE (Richness and abundance of epiphytic ferns in a successional gradient in a temperate rainforest of southern Chile).

Aguilera-Betti I., Lobos-Catalán P. Torres-Morales P. Jiménez-Castillo M.

Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

El bosque templado lluvioso del sur de Chile es un ecosistema único en el mundo debido a su alto endemismo vegetacional, que incluye más de 50 especies de epífitas vasculares y trepadoras. Dentro de las epífitas, el grupo que posee mayor abundancia y riqueza de especies corresponde a los helechos epífitos. Diversos trabajos muestran cómo varía la distribución de estos helechos en perfiles verticales, sin embargo no existen antecedentes que demuestren cómo varía la riqueza y abundancia de estos en distintos estados sucesionales de un bosque. El objetivo de este trabajo es describir el patrón de riqueza y abundancia de helechos epífitos en bosques con distinto estado sucesional. Para esto se caracterizaron 3 tipos de bosques según su estructura en Adulto, intermedio y renoval. En estos se midió la riqueza y abundancia de helechos sobre los troncos de las diferentes especies de árbol hospederos, hasta una altura de 1 m. Se encontró que tanto la riqueza como abundancia de helechos varía entre los distintos tipos de bosque existiendo una distribución diferencial para algunas especies y general para otras. Estos resultados sugieren que ciertas especies se ven favorecidas o restringidas por las condiciones ambientales generadas en los distintos tipos de bosque. Se discute si existe alguna característica física del hospedador asociada a estos patrones.

317. DIVERSIDAD DE MUSGOS EPÍFITOS DE UN BOSQUE TEMPLADO DEL SUR DE CHILE (Diversity of epiphyte mosses in a temperate forest of southern Chile).

Osorio, F.¹ & Fontúrbel, F.²

¹ Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

² Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

The temperate forests of southern Chile are characterized by a diversity of tree species densely covered with epiphytes, which have been scarcely studied. To fulfill this information gap, we studied the composition of moss inhabiting the canopy of thirteen species of native trees in a temperate forest of southern Chile. We used tree-climbing methods to compare the diversity of 34 species of mosses found in thirteen species of trees (n = 120) at different heights. Of the 34 species of mosses recorded, four were dominant (in biomass terms): (1) *Weymouthia mollis* found growing preferably on mañío macho (*Podocarpus nubigena*), meli (*Amomyrtus meli*), luma (*Amomyrtus luma*) and Tineo (*Weinmannia trichosperma*) at a height of 12 to 20 m, (2) *W. cochlearifolia* was found on the same species at a height of 12 to 16 m. (3) *Ancistrodes genuflexa* was found on tineo, mañío macho and meli to a height of 10 to 14 m, and (4) *Dicranoloma robustum* was found on tineo, palo santo (*Dasyphyllum diacanthoides*) and meli at a height of 10 to 16 m. The results suggest a high specificity of mosses by height, rather than tree species.

Acknowledgements: IEE UACH; Laboratorio de Criptogamia MNHN.

318. CAMBIOS DE ESTADO EN LAGUNAS SOMERAS: INTRODUCIENDO EL ESTADO HIPERCLARO (Regime shifts in shallow lakes: introducing the hyper-clear state).

Tironi, A.^a and Marín V. H.^a

^a Laboratorio de Modelación Ecológica, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Casilla 653, Santiago, Chile.

Los cambios de estado en ecosistemas son un fenómeno común en la naturaleza, y ocurre en todo tipo de ecosistemas. Mejorar nuestro conocimiento sobre los mecanismos de cambio y los límites de cada estado estable nos ayudará en entender mejor cómo es que los ecosistemas responden frente a cambios ambientales. Si bien han sido ampliamente descritos en teoría y modelados para varios tipos de ecosistemas, la base empírica de esta evidencia es pequeña y se basa en pocos casos para ecosistemas dulceacuícolas continentales. Este trabajo presenta un análisis probabilístico de 183 lagunas someras para probar la hipótesis dominante que predice la existencia de dos estados estables, uno turbio y uno claro. Nuestros análisis confirman la existencia de esos dos estados en lagunas de aguas someras, con evidencia de un tercer estado, el hiperclaro, caracterizados por niveles de nutrientes y cobertura de macrófitas de un estado turbio, pero con niveles de transparencia de una laguna en estado claro. Este trabajo representa el mayor conjunto de evidencia empírica sobre la existencia de múltiples estados estables en lagunas someras, confirmando y actualizando la teoría existente. Nuestros resultados sugieren que los cambios de estado en lagunas de aguas someras están definidos por rápidas transiciones en la dominancia de diferentes productores primarios, a lo largo de un gradiente de nutrientes y transparencia.

El trabajo es patrocinado por Irma Vila P.

ATS y VHM agradecen el financiamiento de CONICYT, FONDECYT y el DPP de la U. de Chile.

EVOLUCIÓN-ECOLOGÍA- PARASITOLOGÍA

319. LOS INCALCULABLES ASOMBROS DE LA MEDICINA EVOLUCIONARIA (The Immeasurable Wonders of Evolutionary Medicine).

Swaneck, G. E.

American Society for Cell Biology, Bethesda, MD. USA

La medicina evolucionaria no es una medicina alternativa. Es un modelo exploratorio que incorpora rasgos heredados y adaptativos para investigar las causas de enfermedades sin ofrecer terapias.

Crear que la selección natural finalizó para los seres humanos ilustra incompreensión de la evolución. Los individuos –un genotipo heterogéneo de diferente expresión– produce el fenotipo, nosotros. Los cambios importantes tomaron miles de años, condición ignorada.

La medicina evolucionaria toma de Darwin conceptos de variación (mire a sus descendientes) y la selección de ellos en un ambiente.

La interfase medicina/evolución no es una relación percibida, por ej.: en Salud Pública el interés por inmunizar, percibido como beneficio, enfrenta efectos adversos por la vacuna. Análogamente, los antibióticos han protegido a muchos pero causan resistencias.

Al secuenciar el genoma de hermanos exhibe diferente número de copias de genes, desigual número de SNP y del largo de telómeros por edad, que sugiere divergencias en nuestros cromosomas que indican que no somos máquinas perfectas producto del diseño técnico sino sistemas programados con enorme potencia reproductiva sin éxito en salud. Razonamos que somos simbioses con mayor/menor auge o desastre que la medicina evolucionaria comprende por causas/adaptaciones sin encaminarse al aplauso buscado por periodistas. Aunque en Chile de mayoría católica no aparece un Creacionismo instaurado, en nuestra historia educacional la inclusión de “Evolución” en textos ha variado según los gobiernos en el poder. Un enfoque evolucionario requiere –si los currículos lo permiten– incluir la enseñanza de la Evolución en ciencias básicas y en clínicas. Otro desafío educacional.

320. EFECTO DEL NIVEL DE MASCULINIZACIÓN SOBRE LA ESTRUCTURA JERÁRQUICA EN *OCTODON DEGUS* (Female Masculinization effects on hierarchy structure in *Octodon degus*).

Correa, L. A.¹; Ebensperger L. A.²; Hayes, L. D.³ & Soto-Gamboa, M.¹.

¹ Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile.

² Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad, y Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

³ Department of Biology, University of Louisiana at Monroe, Monroe, Louisiana.

La formación de jerarquías por dominancia ha evolucionado como un mecanismo que reduciría los costos asociados con las interacciones agonistas. La posición social dentro de la jerarquía estaría asociada a un acceso diferencial a recursos. Existen diferentes factores que determinan el rango social, los cuales se asocian a atributos fenotípicos de los organismos involucrados. En este trabajo evaluamos el efecto de la masculinización (medida como distancia anogenital), sobre la formación de jerarquías en hembras de *Octodon degus*. Se consideraron tres tipos de

grupos sociales, (i) hembras masculinizadas (2M), (ii) hembras feminizadas (0M), y (iii) hembras de ambos fenotipos (mixto). En cada condición registramos las interacciones de dominancia, sumisión, afiliativas, y se determinó la concentración de testosterona (T). Nuestros resultados indican que grupos sociales constituidos solo por hembras 2M y 0M no presentan formación de jerarquías, mientras que los grupos mixtos presentaron jerarquías lineales, donde las 2M son dominantes sobre 0M. No encontramos diferencias de T entre hembras. Discutimos la importancia de la exposición temprana a andrógenos que determinaría la conducta en estado adulto.

FONDECYT #10900302.

321. EFECTO DEL TAMAÑO CORPORAL DE *CREPIPATELLA SP.* SOBRE LA INTENSIDAD DE LA INFECCIÓN DE POLIQUETOS PERFORADORES (Effect of *Crepidatella sp.* body size on the intensity of infection by boring polychaetes).

Manquilef J. P.¹, Soto R.¹, Villaseñor C. A.² & Neill P. E.¹

¹ LEIM, Depto. Ecología, Fac. Ciencias, UCSC, Casilla 297, Concepción, Chile.

² LIB, Fac. Ciencias Forestales, UdeC, Casilla 160 Concepción.

Diversas especies de invertebrados con conchas calcáreas (e.g. bivalvos, gastrópodos, cirripedios) son frecuentemente infectadas por distintas especies de poliquetos. En varios casos, la cantidad de poliquetos y cobertura de galerías aumentan con el tamaño de su hospedador, lo que sugiere una potencial acumulación de poliquetos en el tiempo. Mediante imágenes tomadas con rayos X, se cuantificó la magnitud de infección de poliquetos perforadores en conchas de *Crepidatella sp.*, los que posteriormente fueron extraídos para estimar la cantidad de poliquetos por concha. Tanto el número de galerías como la magnitud de infección (i.e. área de la concha ocupada por galerías, o la proporción de la concha que presenta galerías) aumentan con el tamaño del hospedador. Por otra parte, a medida que aumenta el número de galerías, aumenta la densidad de poliquetos en las conchas. Nuestros resultados sugieren que la acumulación temporal de poliquetos en las conchas de *Crepidatella sp.* genera una mayor intensidad de infección en hospedadores más grandes. Se concluye que la magnitud de infección por poliquetos perforadores está determinada tanto por la acumulación de poliquetos a través del tiempo como por un aumento en el área de infección.

322. ASOCIACIONES ENTRE ROEDORES ENDÉMICOS Y ESPECIES ARBUSTIVAS: ¿IMPORTAN EL SEXO Y ESTATUS DE INFECCIÓN? (Associations among endemic rodents and shrub species: do sex and infection status matter?).

Donoso, M. I., Oda, E., Cares, R. A., Manríquez, V., Ramírez, P. A. & Botto-Mahan, C.
Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

La distribución de micromamíferos en el ambiente puede estar determinada por la vegetación disponible como recurso. Existe escasa información respecto a los factores que determinan las asociaciones entre plantas y micromamíferos en Chile. El objetivo de este estudio es examinar la ocurrencia de asociaciones específicas entre roedores nativos (*Phyllotis darwini*, *Octodon degus* y *Abrothrix olivaceus*) y especies arbustivas de una zona semiárida de Chile, y determinar si este patrón varía dependiendo del sexo y estatus de infección con el protozoo *Trypanosoma cruzi*. Para esto, se realizaron muestreos en la Reserva Nacional Las Chinchillas en 2010 y 2011, utilizando captura-marcaje-recaptura. Para cada trampa se identificó la especie arbustiva asociada, y para cada micromamífero capturado se registró sexo, peso y estatus de infección. En general, *O. degus* consistentemente selecciona *Heliotropium stenophyllum* y *Bridgesia incisifolia* y evita *Flourensia thurifera*. *Abrothrix olivaceus* selecciona *H. stenophyllum* y evita *F. thurifera*, y *P. darwini* evita *F. thurifera*. *Octodon degus* es la única especie que selecciona y evita las mismas especies arbustivas independientemente del sexo y estatus de infección considerado, lo cual es consistente con la conducta social descrita para esta especie y su calidad como reservorio asintomático de *T. cruzi*.

FONDECYT 11090086 & PSD-66.

323. CONSERVACIÓN Y DIVERGENCIA EN EL DESARROLLO CORPORAL DE LARVAS HÍBRIDAS INTRAESPECÍFICAS DE DROSOPHILA GAUCHA (DIPTERA:DROSOPHILIDAE) (Conservation and divergence in the development of intraespecific hybrid larvae of *Drosophila gaucha*, Diptera; Drosophilidae).

Alvarez, E., Muñoz, H. y Godoy-Herrera, R.
Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Independencia 1027, casilla 70061, Santiago. (eduardo.alvarez@mayor.cl).

Para comprender las interrelaciones entre genotipo y ambiente en relación con desarrollo y crecimiento corporal en poblaciones naturales, se compararon larvas parentales e híbridas F_1 , F_2 y retrocruces obtenidas al cruzar dos poblaciones de *Drosophila gaucha* colectadas en Campos de Jordán, Río Grande do Sul, Brasil. La otra población se formó con adultos de la provincia de Buenos Aires, Argentina.

Se examinó el desarrollo del peso corporal y de rasgos mandibulares como número de dientes (N=50 larvas/edad/generación). Los resultados muestran que las poblaciones parentales, al término de su desarrollo larval, tienen índices de masa corporal (IMC) de $0.17 + 0.01 \text{ mg/mm}^2$, en cambio las larvas híbridas F_1 , F_2 y retrocruces tienen un IMC de $0.07 + 0.01 \text{ mg/mm}^2$, sugiriendo que la hibridación entre las poblaciones naturales modifica el desarrollo y crecimiento de las larvas.

Estos hallazgos sugieren que las poblaciones Buenos Aires y Campos de Jordán de *D. gaucha* se han diferenciado genéticamente:

hay una fuerte disminución de la masa corporal de los híbridos cercana al 41%. Sin embargo, las larvas de cada población natural siguen un plan de desarrollo similar.

FONDECYT 1100110.

324. ETOLOGÍA Y AGREGACIONES DE LARVAS DE LAS ESPECIES ENDÉMICAS GEMELAS D. PAVANI, D. GAUCHA Y D. VIRACACHI (Ethology and aggregations of larvae of sibling endemic species *D. pavani*, *D. gaucha* y *D. viracochi*).

*Fuentes, J.; *González, K.; Godoy-Herrera, R.
Programa de Genética Humana Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM), Universidad de Chile.

D. pavani, *D. gaucha* y *D. viracochi* junto con al menos otras seis, constituyen el grupo *mesophragmatica*, subgénero *Drosophila*. El objetivo de esta investigación es conocer la conducta de las larvas de las tres especies en relación con el reconocimiento olfativo de congéneres y heteroespecíficos. Un estudio previo demostró que las larvas de *Drosophila* responden a señales químicas emitidas por otras larvas. Un estudio comparado puede aportar a comprender la evolución de la conducta olfatoria. Los experimentos se basaron en registrar la posición de la larva de cada especie frente a congéneres y heteroespecíficos, en un medio similar al natural. Cada 5 min se registró la posición de cada larva hasta los 30 min y se calculó un índice de agregación. Se realizaron 8 réplicas de cada combinación. Los resultados sugieren que el patrón de agregación de cada especie depende de la especie acompañante. Así, las larvas *gaucha* no reaccionan frente a larvas *pavani*, pero se agregan en presencia de larvas *viracochi*. Las larvas *pavani* se comportan similar a las *gaucha*. Las larvas *viracochi* no responden a señales heteroespecíficas. Existe una correlación entre parentesco filogenético de las especies y sus respuestas a larvas heteroespecíficas.

FONDECYT 1100110.

325. INTEGRACIÓN ECOLÓGICA Y EVOLUTIVA DE LAS CORRELACIONES MORFOLÓGICAS, FISIOLÓGICAS Y BIOENERGÉTICAS EN EL CARACOL DE TIERRA *HELIX ASPERSA* (Ecological and Evolutionary integration of the morphological, physiological and bioenergetic correlations in the land snail *Helix aspersa*).

González-Méndez, A., Bruning, A., Gaitán-Espitia, J. D. & Nespolo, R.
Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución, UACH.

La integración fenotípica, o el estudio de patrones de covariación entre rasgos relacionados funcionalmente en organismos de poblaciones naturales, ha sido uno de los principales frentes de investigación en fisiología evolutiva. La exploración de las correlaciones presentes entre diversos tipos de rasgos con implicancia en la adecuación biológica, permite entender la variación fenotípica existente en la naturaleza, al igual que las restricciones y el potencial para la evolución fenotípica. En este sentido, es ampliamente reconocido que las capacidades bioenergéticas están altamente correlacionadas con la masa corporal de los organismos. Asimismo, factores exógenos como la variación ambiental (e.g., Latitud) o endógenos como la variación en masas de órganos internos, cambios ontogénicos o generacionales, pueden influir en estas asociaciones. Bajo este contexto, el presente trabajo explora la integración funcional entre morfología y bioenergéticos en 3 poblaciones del caracol *Helix aspersa* distribuidas a lo largo de 1.300 kilómetros, con el objetivo de identificar patrones geográficos o cambios generacionales en dichas correlaciones que expliquen la variación en rasgos como la Tasa Metabólica Estándar. Sorprendentemente, no hubo variación latitudinal en estas capacidades lo cual sugiere que el microambiente hace que los animales perciban homogeneidad climática. Por otro lado, se encontraron importantes asociaciones entre órganos procesadores de energía y el gasto energético global, sugiriendo que existen factores limitantes centrales en el uso de la energía.

Agradecimientos al proyecto FONDECYT 1090423.

326. MORFOMETRÍA CRANEODENTAL EN MURCIÉLAGOS Y SU RELACIÓN CON LOS GREMIOS TRÓFICOS EXISTENTES.

Pantoja Peña, G. E., Villanueva Rivas, M. A.
Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Universidad: Unitrópico, Colombia.

Se evaluaron 43 variables morfométricas craneales, las cuales involucran medidas dentarias y otras estructuras óseas. Con base en los datos obtenidos se realizó un set de análisis multivariados a fin de inferir cuales de las variables incluidas tienen una relación directa con cada uno de los gremios tróficos evaluados, entre los que se encuentran frugívoros sedentarios, frugívoros nómadas, insectívoros aéreos, insectívoros del follaje, carnívoros, hematófagos y nectarívoros, para un total de 7 de los 8 gremios tróficos reportados por Wilson (1973) y Soriano (2000). Los resultados obtenidos permiten inferir que sí existe una relación entre los gremios y los datos morfométricos los cuales reflejan las adaptaciones que han tenido cada una de las especies evaluadas con respecto al recurso del cual se sustentan.

327. HEREDABILIDAD Y CORRELACIONES GENÉTICAS-FENOTÍPICAS PARA CARACTERES DE HISTORIA DE VIDA Y FISIOLÓGICOS DURANTE LA ONTOGENIA TEMPRANA DEL CARACOL DE TIERRA *HELIX ASPERSA* (Heritability and phenotypic-genotypic correlations of physiologic and life history traits through the early ontogeny of the land snail *helix aspersa*).

Bruning, A., Nespolo, R. F., & Gaitán-Espitia, J. D.
Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución.

La identificación de los componentes ambientales y genéticos que influyen sobre la variación fenotípica, es el primer paso para el estudio contemporáneo de la generación de adaptaciones. La variación y covariación genética aditiva presente en rasgos relacionados con la adecuación biológica muestran las restricciones y el potencial evolutivo. Por otro lado, la heterogeneidad ambiental (e.g., gradientes latitudinales), tiene gran efecto sobre la diferenciación fenotípica presente entre poblaciones naturales. Teniendo en cuenta que el tamaño corporal y el tiempo de desarrollo son determinantes de la adecuación biológica, y adicionalmente que la variación geográfica en rasgos de historia de vida puede ser causada, al menos en parte, por diferencias en el metabolismo de mantención entre individuos de diferentes poblaciones, el presente estudio explora la arquitectura genética (i.e., (co)varianzas genéticas aditivas), de rasgos fisiológicos y de historia de vida en dos poblaciones del caracol de tierra *Helix aspersa*, separadas por 1.300 kilómetros, poniendo a prueba dos hipótesis asociadas con estrategias promovidas por la selección natural que optimizan la asignación de recursos y energía (i.e., genotipos derrochadores-ahorradores). Los resultados muestran que el metabolismo energético presenta varianza genética aditiva y que existen fuertes asociaciones con la eficiencia del crecimiento, apoyando la noción de fenotipos derrochadores.

Agradecimientos al proyecto FONDECYT 1090423.

328. EFECTO DE LA DESECACIÓN Y DENSIDAD LARVAL SOBRE RASGOS DE HISTORIA DE VIDA, MORFOLOGÍA Y EL DESEMPEÑO LOCOMOTOR EN *RHINELLA SPINULOSA* (ANURA: BUFONIDAE) (Desiccation and larval density effect on life history traits, morphology and locomotor performance in *Rhinella spinulosa* (ANURA: BUFONIDAE)).

Fibla, P., Valladares, M., Sallaberry M., Pastenes, L. y Méndez, M. A.

Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

En anfibios que se reproducen en pozas temporales, el hidropereido y la densidad larval afectan la morfología y los rasgos de historia de vida.

En individuos de *Rhinella spinulosa* provenientes de Farellones (33°20'S, 70°18'W) se evaluó el efecto de la desecación y la densidad larval sobre rasgos de historia de vida, morfología y el desempeño locomotor. Larvas de tres puestas distintas fueron mantenidas individualmente en condiciones de jardín común (20°C, 12L:12O), en un experimento factorial de 3x2x3 (desecación, densidad y familia). Se registró el tamaño a la metamorfosis (SVL), la edad y la tasa de crecimiento, el desempeño locomotor de la larva y del postmetamórfico. La interacción entre densidad alta y presencia de desecación explicó el aumento del periodo larval y la disminución en la tasa de crecimiento. No se encontró diferencias en el SVL. La densidad larval afectó el desempeño locomotor de la larva aumentando el tiempo de nado. Mientras que para los postmetamórficos la desecación afectó negativamente la distancia de salto. Finalmente no se encontró una correlación entre el desempeño locomotor de la larva y del postmetamórfico.

Agradecimientos: Proyecto Domeyko Iniciativa Transversal 1.

329. EFECTO DE LA INFECCIÓN CON *TRYPANOSOMA CRUZI* SOBRE EL USO DEL ESPACIO DE DOS ESPECIES DE ROEDORES SILVESTRES (Effect of *Trypanosoma cruzi* infection on the space use of two sylvatic rodent species).

Ramírez, P. A.¹, Botto-Mahan, C.¹, Bacigalupo, A.², Correa, J. P.², Oda, E.¹ & Solari A.³

¹ Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Chile.

² Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Chile.

³ Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Chile.

La enfermedad de Chagas es una zoonosis causada por el parásito *Trypanosoma cruzi* y transmitido por insectos triatomíneos a varias especies de mamíferos silvestres y domésticos. A pesar de la importancia que representa el ciclo silvestre para la transmisión y mantención de esta enfermedad, pocos estudios han examinado el efecto de *T. cruzi* en sus reservorios nativos. En este estudio evaluamos si *T. cruzi* afecta el uso del espacio de los roedores *Phyllotis darwini* y *Octodon degus* coexistiendo en un área hiperendémica de la enfermedad de Chagas en Chile. En el verano 2010 utilizamos el método de captura/marcaje/recaptura para el cálculo del área utilizada, y obtuvimos muestras de sangre de cada individuo para la detección del parásito mediante PCR. Los resultados muestran que machos y hembras infectados de *P. darwini* duplican su uso del espacio. En tanto, la infección no afectaría a *O. degus*, siguiendo ambos sexos el mismo patrón. Sugerimos que probablemente mayores requerimientos energéticos

de *P. darwini* infectados podrían dar cuenta de esta conducta aberrante, teniendo un efecto final de sobredispersión de la enfermedad.

FONDECYT 11090086, 1085154, 1100339.

330. EFECTO DE LA COMPOSICIÓN DE RESERVORIOS EN EL CICLO SILVESTRE DEL PARÁSITO *TRYPANOSOMA CRUZI* (The effect of reservoir composition on the wild cycle of the parasite *Trypanosoma cruzi*).

Oda, E.¹, Solari, A.², Botto-Mahan, C.¹

¹ Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

² ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

El ciclo silvestre de enfermedades infecciosas es afectado por la diversidad y abundancia de hospederos, vectores y parásitos. En el ciclo silvestre de transmisión de la enfermedad de Chagas participan mamíferos, vinchucas del género *Mepraia* y el protozoo *Trypanosoma cruzi*. En vinchucas, la prevalencia con *T. cruzi* es espacialmente heterogénea, desconociéndose los factores que determinan esta variación. En este estudio evaluamos la relación entre los niveles de infección con *T. cruzi* en poblaciones de *M. spinolai* y la presencia e infección con este parásito en dos especies de roedores endémicos, *Octodon degus* y *Phyllotis darwini*, para nueve sitios de la Reserva Nacional Las Chinchillas. Para determinar la prevalencia en vinchucas analizamos sus heces mediante PCR. Paralelamente, para cada especie de roedor estimamos su densidad total y la de individuos infectados mediante captura-marcaje-recaptura y PCR. Los resultados muestran diferentes prevalencias en vectores entre sitios (rango: 11.1%-74.5%; $P < 0.001$). Estos distintos niveles de riesgo serían explicados en gran medida por la densidad total y densidad de individuos infectados de *P. darwini*. Sugerimos que esta especie de roedor además de ser un reservorio nativo del parásito, es un indicador de los niveles de riesgo de infección con *Trypanosoma cruzi* en poblaciones naturales.

FONDECYT 11090086, 1085154, PBCT/PSD-66.

331. ENSAMBLE DE ECTOPARÁSITOS EN ROEDORES DE LA RESERVA NACIONAL LAS CHINCHILLAS, CHILE (Ectoparasite assemblage in rodents from Las Chinchillas National Reserve, Chile).

Moreno, L.¹, González-Acuña, D.², Bacigalupo, A.³, Puebla, M.³, Correa, J. P.³, Oda, E.⁴, Yáñez, A., **Botto-Mahan, C.**⁴

¹ Departamento Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Chile.

² Departamento Ciencias Pecuarias, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chile.

³ Departamento Ciencias Biológicas Animales, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Chile.

⁴ Departamento Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Chile.

La composición de los ensambles de ectoparásitos se encuentra determinada por distintos factores: tipo de hospedador, localidad y estación del año. En el presente estudio se determinaron los ensambles de ectoparásitos en cuatro especies de roedores (56 *Phyllotis darwini*, 73 *Octodon degus*, 15 *Abrothrix olivaceus* y 10 *Abrocoma bennetti*) provenientes de la Reserva Nacional Las Chinchillas (Región de Coquimbo). Se recolectaron un total de 642 ectoparásitos: pulgas (*Tungidae*, *Ceratophyllidae*), piojos (*Hoplopleuridae*, *Gyropidae*), ácaros (*Laelapidae*) y garrapatas (*Ixodidae*). El 75% de los roedores albergó al menos una especie de ectoparásito. Los piojos fueron los más abundantes, seguido por pulgas, ácaros y garrapatas; recolectándose muchos de estos artrópodos desde dos o más especies de hospedadores. No se observó diferencia significativa en la abundancia ($p = 0.87$), ni en prevalencia ($p = 0.66$) de ectoparásitos entre especies hospedadoras. Las similitudes en la prevalencia, abundancia y asociación parásito-hospedador podrían ser el resultado de la coexistencia de las especies hospedadoras en un mismo tipo de hábitat junto con parásitos generalistas.

FONDECYT 11090086, PSD-66.

332. "NUEVOS REGISTROS DE FAUNA ENDOPARASITARIA EN CETÁCEOS DE TIERRA DEL FUEGO" (New endoparasite records for cetaceans from Tierra del Fuego).

Dougnac, C., Goodall, R. N. P., Fredes, F.
Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

La presencia de parásitos en un hospedero es resultado de la evolución de interacciones predador-presa, por esto, pequeñas infecciones no provocarán sintomatología clínica, sin embargo, en cetáceos han sido consideradas causa de varamiento y muerte. El conocimiento de agentes transmisibles en estos animales del Sur de Sudamérica es escaso. En este estudio se identificaron endoparásitos en cadáveres de cetáceos varados entre los años 1997 y 2010 en Tierra del Fuego en el marco del proyecto de Aves y Mamíferos Marinos Australes (AMMA) y el Centro de Estudios Fuego-Patagonia (CEQUA). Se muestrearon 33 animales pertenecientes a 11 especies diferentes (5 delfines, 4 zifidos, una marsopa y un misticeto), obteniéndose en total 22 muestras gastrointestinales, 4 de grasa subcutánea, 10 de bulla timpánica y 7 pulmonares; las cuales se analizaron mediante microscopía óptica. Los resultados permitieron la descripción de 19 relaciones hospedero-parásito, 11 de las cuales son nuevos registros para el hospedero y 18 lo son para la Isla de Tierra del Fuego. Esta investigación contribuye a la generación de una línea de base para

futuros trabajos con el fin de detectar cambios y la aparición de nuevas asociaciones que pudiesen ser un reflejo de alteraciones en los ecosistemas marinos, dado el rol de centinelas marinos que poseen estos mamíferos.

Agradecimientos: Antonio Raga, Mercedes Fernández, Carlos Olavarría.

333. MEPRAIA SPINOLAI Y MEPRAIA GAJARDOI: ¿EXISTE AISLAMIENTO REPRODUCTIVO? (*Mepraia spinolai* and *Mepraia gajardoi*: are they reproductively isolated?).

Botto-Mahan, C.¹, Campos, R.², Solari, A.²

¹ Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Mepraia es un género endémico que habita regiones áridas y semiáridas de la zona norte-centro de Chile. Utilizando caracteres morfológicos y cariotípicos se han descrito tres especies: *M. gajardoi* (18°-26°S), *M. parapatrica* (25°-26°S), *M. spinolai* (26°-34°S). Por otro lado, estudios con marcadores nucleares muestran que las poblaciones localizadas a ~25°S estarían más relacionadas a poblaciones de *M. spinolai*, mientras que con marcadores mitocondriales muestra una relación más cercana con poblaciones de *M. gajardoi*. Esta discordancia entre los marcadores moleculares puede ser el resultado de introgresión debido a eventos de hibridación pasados. En este estudio examinamos mediante cruzamientos dirigidos si las especies *M. gajardoi* y *M. spinolai* presentan aislamiento reproductivo pre o postcigótico, una de las evidencias utilizadas al describir una buena especie de acuerdo al concepto clásico de especie. Se realizaron 20 cruzamientos entre adultos vírgenes de *M. gajardoi* (18°-19°S) y *M. spinolai* (31°-33°S), es decir, cruzamientos entre poblaciones claramente alejadas de la zona de conflicto (~25°S). Se examinó el vigor híbrido por medio de retrocruzamientos entre los híbridos y sus especies parentales. Resultados indicarían que estas dos especies no presentan aislamiento reproductivo, dado que son capaces de aparearse y dejar descendencia fértil. No podemos descartar que la zona de conflicto ubicada entre los 25°-26°S sea un sector de hibridación entre estas dos unidades taxonómicas.

FONDECYT 11090086, 1085154 y PBCT-PSD/66

334. VARIACIÓN GENÉTICA Y DE RASGOS FUNCIONALES EN SCHIZANTHUS HOOKERI Y SCHIZANTHUS GRAHAMII: IMPORTANCIA DEL SISTEMA DE REPRODUCCIÓN EN PROCESOS DE DIFERENCIACIÓN (Genetic and functional trait variation in *Schizanthus hookeri* and *Schizanthus grahamii*: importance of mating system in differentiation patterns).

León, C.¹, Pérez, F.^{1,2} CASEB.

Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
Instituto de Ecología y Biodiversidad.

Los procesos de adaptación de poblaciones de plantas pueden ser afectados por distintos factores, como diferencias ambientales y los sistemas de reproducción, desarrollándose diferencias fenotípicas y genéticas. En este estudio se examinaron los patrones de diversificación genética y morfológica de dos especies hermanas que crecen en la cordillera de los Andes, *Schizanthus hookeri* y *S. grahamii*. Estas especies difieren en los sistemas de reproducción; *S. grahamii* presenta autofecundación autónoma tardía, mientras que *S. hookeri* es dependiente de polinizadores. Datos obtenidos de microsatélites sugieren que las poblaciones de *S. grahamii* son más diferenciadas genéticamente entre ellas que las de *S. hookeri*. Estas poblaciones también presentan mayores niveles de diferenciación en rasgos morfológicos y fisiológicos (densidad de estomas, razón masa/área, tasas fotosintética, conductancia estomática). En general, se encontraron mayores niveles de diferenciación entre localidades que entre especies. Los mayores niveles de diferenciación en *S. grahamii* pueden atribuirse a los altos niveles de autogamia, que restringirían el flujo génico acelerando los procesos de diferenciación y de adaptación local.

FILOGEOGRAFÍA

335. FILOGEOGRAFÍA DE MONTAÑA EN CHILE CENTRAL: LIOLAEMUS NIGROVIRIDIS (SAURIA) COMO MODELO (Mountain phylogeography in central Chile: *Liolaemus nigroviridis* as model (Sauria)).

Cianferoni, F.¹, Yáñez, R. P.¹, Palma, R. E.², Torres-Pérez, F.¹

¹ Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

² Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Las regiones de montaña son particularmente interesantes para evaluar las respuestas de las especies a oscilaciones climáticas. Durante estas fluctuaciones, las poblaciones pueden experimentar periodos alternantes de aislamiento y conectividad, al igual que procesos de expansión o contracción. En Chile, los ambientes de montaña son un componente principal de la geografía, con diversas especies asociados exclusivamente a ellos. Pocos trabajos han estudiado los procesos históricos que dan cuenta de la estructura actual de las poblaciones de montaña en Chile.

Liolaemus nigroviridis es un saurio característico de la fauna de montaña de Chile central. Es una especie saxícola distribuida entre los ca. 32°-34°S y sobre los 1100 m. Presenta una distribución discontinua habitando en ambientes montañosos de las cordilleras de los Andes y de la Costa, y ausente en los valles.

Usando secuencias nucleotídicas del genoma mitocondrial, realizamos análisis filogeográficos para inferir los procesos históricos que determinaron la estructura actual de las poblaciones de *L. nigroviridis*. Resultados preliminares muestran que las poblaciones de la cordillera de la Costa aparecen basales en los árboles filogenéticos, siendo derivadas las de los Andes, congruente con un modelo de colonización por aislamiento por distancia. Discutimos escenarios alternativos de colonización de las poblaciones.

Financiamiento: FONDECYT 1100558.

336. PATRÓN DE DIFERENCIACIÓN GENÉTICA ENTRE ORESTIAS DE LA PUNA CHILENA REVELADO POR MARCADORES MITOCONDRIALES Y NUCLEARES (Genetic differentiation among *Orestias* from the Chilean Puna as revealed by mitochondrial and nuclear markers).

Guerrero C. J.¹, Peña F.¹, Vila I.², Poulin E.¹

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago Chile.

² Laboratorio de Limnología. Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago Chile.

Orestias es uno de los géneros de peces endémicos del Altiplano, distribuido desde Lacsha, Perú, al salar de Ascotán en Chile. Las especies que habitan el sur-oeste del Altiplano se caracterizan por una distribución geográfica reducida y endemismo local. Cuatro especies se han descrito en la zona de la puna altiplánica. *Orestias parinacotensis* en el bofedal de Parinacota, *O. piacotensis* en la laguna de Piacota, *O. chungarensis* en el lago Chungará y *O. laucaensis* en las lagunas de Cotacotani y el río Lauca. En esta zona, los sistemas hídricos han sido formados por una fuerte actividad volcánica y tectónica durante la transición Pleistoceno-Holoceno. El objetivo del estudio fue determinar con marcadores mitocondriales y microsátélites, la diferenciación genética entre poblaciones geográficas de los diferentes taxa y evaluar así los procesos de especiación. La diversidad haplotípica varió entre lugares siendo la muestra de Parinacota la que presentó mayor diversidad. La red de haplotipos mostró una baja pero clara separación entre *O. piacotensis*, *O. chungarensis* y *O. laucaensis*, con señal de crecimiento poblacional sugerida por la presencia de un haplotipo central con ramificaciones cortas. Por el contrario, *O. parinacotensis*, mostró una red de haplotipos mucho más dispersa. Ambos marcadores sugieren la presencia de cinco grupos genéticos diferenciados. Sin embargo, los análisis muestran que esta diferenciación corresponde a un fenómeno reciente, probablemente ligada a los cambios en la cuenca del río Lauca al final del Pleistoceno. La población de Parinacota sería un lugar de hibridación genética de estos taxa, ligado a los procesos de inundación del Altiplano.

Agradecimientos: Fondecyt 1110243.

337. FILOGEOGRAFÍA Y MORFOMETRÍA GEOMÉTRICA EN LAPAS DEL GÉNERO NACELLA EN LA PROVINCIA MAGALLÁNICA (Phylogeography and Geometric morphometrics in limpets of the genus *Nacella* in the Magellanic Province).

González-Wevar, C. A.¹, Cañete, J. I.² Poulin, E.¹

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. E-mail: omeuno01@hotmail.com

² Departamento de Recursos Naturales, Universidad de Magallanes.

The origin and diversification of *Nacella* is related to major oceanographic and climatic changes during the middle Miocene. Divergence time estimations suggest a recent diversification in the Magellanic Province where eight nominal species have been described. However, only four of them seem to represent real Evolutionary Significant Units (ESUs). We examined phylogeographical patterns in seven nominal and sympatric

species of *Nacella* using 671 bp of the COI gene. We estimated genetic diversity indices and the degree of differentiation among them. We also performed Geometric Morphometric analyses of the shells. Elliptic Fourier analyses detected significant differences among four *Nacella* species with the exception of *N. fuegiensis*, *N. venosa*, and *N. chilensis*. Genetic analyses detected high levels of global genetic similarity among the analyzed nominal species but N_{ST} and G_{ST} comparisons detected significant differences among *N. magellanica*, *N. mytilina*, *N. deaurata*, and *N. flammea*. Considering genetical, morphological, and ecological information, *N. fuegiensis*, *N. chilensis* and *N. venosa* do not constitute ESUs and should be considered as synonyms of *N. deaurata* and *N. magellanica*.

Acknowledgements: Thesis projects INACH B_01_07 and CONICYT 24090009 (C.G), IDEAWILD. Ecology and Biodiversity Institute (IEB) ICM-P05-002 y PFB-023.

338. PEQUEÑOS MAMÍFEROS EN CUMBRES DE MONTAÑAS DE CHILE CENTRAL: EFECTOS HISTÓRICOS DEL PLEISTOCENO EN LA ESTRUCTURA GENÉTICA Y BIOGEOGRÁFICA DE LAS POBLACIONES (Small mammals on central Chile mountaintops: historical effects of the Pleistocene on the genetic and biogeographic structure of populations).

González, J.; Cancino, R. A. & Palma, R. E.

Departamento de Ecología & CASEB, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Diversos estudios han intentado explicar cómo los ciclos glaciales del Pleistoceno han cambiado la distribución del hábitat y de las especies ligadas a estos. Durante las glaciaciones del Pleistoceno buena parte de la biota andina de Chile se refugió en la cordillera de la Costa, y durante el interglacial muchos taxa recuperaron su ambiente ancestral dejando poblaciones remanentes en las cumbres costeras. Con el objeto de evaluar la hipótesis de refugios glaciales en cumbres de la Costa, presentamos aquí resultados preliminares en dos taxa de pequeños mamíferos utilizando secuencias mitocondriales. Comparamos poblaciones de roedores sigmodontinos de cumbres de montaña de Chile central, tanto de la Costa como de los Andes (~ 2.000 m) y áreas intermedias. Las especies consideradas fueron *Phyllotis darwini* y *Abrothrix olivaceus*. Los resultados para ambos taxa muestran la formación de dos clados, uno netamente andino y un clado andino-costero lo que apoya la hipótesis de descenso y de refugio altitudinal en zonas costeras durante los períodos glaciales, y el retroceso hacia zonas andinas durante los interglaciales, dejando formas remanentes en las cumbres de la costa.

FONDECYT 1100558.

339. HISTORIA DEMOGRÁFICA Y DIVERSIDAD GENÉTICA DEL PULPO *OCTOPUS MIMUS* EN LA COSTA SUROESTE DE SUDAMÉRICA (Demographic history and genetic diversity of *Octopus mimus* in the southwestern coast of South America).

Pardo-Gandarillas M. C.¹, Yamashiro C.², Méndez M.³, Poulin E.¹

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago Chile. Email: pardogandarillas@gmail.com

² Instituto del Mar del Perú, Esquina Gamarra y General Valle s/n, Chucuito, Callao, Perú.

³ Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago Chile.

La costa oeste de Sudamérica ha sido afectada por varios eventos climáticos y oceanográficos durante el último ciclo glacial e interglacial. Estos eventos han dejado huellas en las poblaciones a través de señales genéticas que pueden ser detectadas usando aproximaciones filogeográficas. Se realizaron análisis filogeográficos del pulpo *Octopus mimus*, distribuido a lo largo de la costa sureste del océano Pacífico. Amplificamos el gen Citocromo Oxidasa subunidad III para realizar análisis de diversidad genética, estructura poblacional e historia demográfica. Se encontró una disminución latitudinal de la diversidad genética de norte a sur. Tres unidades genéticas fueron detectadas. Una unidad de gran tamaño, más antigua, discontinua latitudinalmente, y que incluye localidades de Perú y Chile. Las otras dos pequeñas unidades, son más recientes, y están conformadas por localidades únicas de Perú y Chile. Análisis basados en teoría de coalescencia demostraron que la población de gran tamaño ha experimentado expansión demográfica reciente, en el Holoceno; mientras que las dos más pequeñas, por su muy baja diversidad genética, podrían haber sufrido un cuello de botella reciente. En base a estos resultados se sugiere una dinámica demográfica de poblaciones abiertas y cerradas, consecuencia de condiciones oceanográficas y topográficas locales, asociado a un modelo metapoblacional, con un complejo patrón de flujo génico, ambos resultantes, de las limitaciones en la dispersión de las paralarvas y adultos en del sistema de corrientes de Humboldt.

Agradecimientos: Instituto de Ecología y Biodiversidad ICM P05-002 PFB 023.

Palabras clave: pulpos, diversidad genética, estructura poblacional.

340. FILOGEOGRAFÍA DE *LIMNOPERLA JAFFUELI* (INSECTA: PLECOPTERA) Y SU RELACIÓN CON EL POLIMORFISMO ALAR (Phylogeography of *Limnoperla jaffueli* (Insecta: Plecoptera) and its relationship with wing polymorphism).

Vera, A.^{1,2} & M. A. Méndez²

¹ Departamento de Biología, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación.

² Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

L. jaffueli presenta ninfas dulceacuólicas e imagos terrestres voladores. Se distribuye en Chile desde Coquimbo a Tierra del Fuego. El fenotipo macróptero está presente en todo su rango de distribución, mientras que el fenotipo braquíptero fue descrito inicialmente para Magallanes. Aquí adicionamos nuevas poblaciones braquípteras y por primera vez poblaciones de fenotipo mixto. Se ha postulado una mayor capacidad de

dispersión de los macropteros y una recolonización postglacial de norte a sur. Lo anterior está en oposición con la presencia de braquípteros en el extremo austral, los que podrían derivar desde poblaciones relictas pleistocénicas. La secuencia histórica de recolonización austral puede identificarse en su filogeografía y de este modo ubicar las poblaciones braquípteras.

Estudiamos 540pb del marcador *ND2* sobre una muestra de 20 poblaciones. Nuestros resultados muestran 38 haplotipos, donde se distinguen 3 haplogrupos: A) las poblaciones del extremo norte; B) las restantes poblaciones y muestra estructura tipo estrella, donde las poblaciones de Aysén y Magallanes no presentan el haplotipo más frecuente, y distinguen las poblaciones macropteras de las brachipteras; C) un único haplotipo diferenciado por 45 pasos mutacionales y que reúne individuos braquípteros de una población de fenotipo mixto de Chile central.

Financiamiento: MECESUP UMC-0204, CONICYT AT-23070183.

341. FILOGEOGRAFÍA DEL VECTOR SILVESTRE DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS EN CHILE, *MEPRAIA SP.* (HEMIPTERA: REDUVIIDAE) (Phylogeography of the sylvatic vector of Chagas disease in Chile, *Mepraia sp.* (Hemiptera: Reduviidae)).

¹Campos, R., ¹Coronado, X., ²Botto-Mahan, C., ³Torres-Pérez, F., ¹Solari, A.

¹ ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

² Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

³ Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Los hemípteros hematófagos de la subfamilia triatominae son un grupo muy diverso, con una gran variedad de formas, conductas y distribución. Presentan una gran importancia epidemiológica debido a que muchos de sus miembros son vectores de la enfermedad de Chagas, cuyo agente causal es el protozoo *Trypanosoma cruzi*. *Mepraia* es un hemíptero endémico de Chile, que habita ambientes silvestres desde el extremo norte hasta la Región Metropolitana (18°28'S -33°06'S). Actualmente, tres especies se reconocen en el género: *M. gajardoi*, *M. spinolai*, y *M. parapatrica*. Mediante secuenciación del genoma mitocondrial (citocromo oxidasa I y citocromo b), realizamos análisis filogeográficos para inferir el grado de estructuración poblacional, y los procesos históricos que dan cuenta de la estructura actual de sus poblaciones. Se capturaron insectos en distintas zonas costeras y del interior del país abarcando todo el rango de distribución del género.

Los resultados preliminares muestran tres clados soportados, congruentes con la clasificación taxonómica de las especies del género. La red de haplotipos y los análisis de varianza molecular indican una alta estructuración poblacional. Los índices de neutralidad sugieren que las poblaciones están en equilibrio demográfico.

Financiamiento: FONDECYT 1085184/11090086, CONICYT, PBCT/PSD-66.

342. COMPARACIONES FILOGEOGRÁFICAS DE DOS *LIOLAEMUS* DEL CENTRO SUR DE CHILE SUGIEREN PROCESOS MICROEVOLUTIVOS DISCORDANTES (Phylogeographic comparisons of two *Liolaemus* from South-Central Chile suggest discordant micro-evolutionary processes).

Muñoz, C.¹; Gouin, N.²; D'Elía, G.³; Sites, J.⁴; Victoriano, P.¹

¹ Departamento de Zoología. Universidad de Concepción.

² CEAZA. Universidad de La Serena.

³ Facultad de Ciencias. Universidad Austral de Chile. ⁴Brigham Young University.

La alta heterogeneidad de paisajes y los cambios climáticos asociados a los periodos glaciales ocurridos en el Pleistoceno han determinado en gran medida la distribución de linajes y de variabilidad genética de las especies. Durante el UMG el hielo cubrió gran parte de la zona centro sur de Chile reduciendo demográfica y genéticamente las poblaciones de distribución sur. *L.tenuis* y *L.pictus* presentan una distribución parcialmente codistribuida que abarca tanto zonas que sufrieron los efectos del UMG como zonas que quedaron menos expuestas al efecto de los hielos. Usamos secuencias de ADNm para análisis filogeográficos demográficos junto con MNE y simulaciones coalescentes, con el fin de poner a prueba hipótesis relacionadas con el efecto filogeográfico de los cambios climáticos del Pleistoceno. Tanto los análisis genéticos, como de MNE, muestran respuestas microevolutivas discordantes entre ambas especies. Las zonas de mayor estabilidad para *L.tenuis* se encuentran en su rango distribucional norte. El amplio rango de recolonización reciente al sur de los 38°S, sugiere una alta sensibilidad al efecto del UMG, mientras que *L.pictus* habría permanecido incluso en áreas refugiales al interior del límite de los hielos. Se discute en términos de diferencias biológicas, factores paleoclimáticos y geográficos.

Fondecyt 1090664, OISE-NSF0530267.

343. SEGREGACIÓN ALTITUDINAL EN UNA ZONA DE HIBRIDACIÓN DE DOS ESPECIES DE *RHINELLA* (ANURA, BUFONIDAE) (Altitudinal segregation in a hybrid zone of two *Rhinella* species (Anura, Bufonidae)).

Correa, C.^{1,2}, R. E. Palma¹ y M. A. Méndez²

¹ Laboratorio de Biología Evolutiva, Departamento de Ecología & CASEB, Universidad Católica de Chile.

² Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Recientemente se describió una zona de hibridación entre las especies hermanas *Rhinella atacamensis* y *R. arunco* en el estero Pupío (32°S), donde las dos especies no se mezclan completamente a lo largo del cauce, sino que ocupan los extremos opuestos. Una extensa exploración al norte y al sur del estero sugiere otras instancias de hibridación con el mismo patrón de segregación: *R. atacamensis* se encuentra consistentemente en las partes altas de los sistemas hídricos, aunque cada vez a mayor altura a medida que se avanza hacia el sur. En este trabajo se define la geografía de la zona de hibridación utilizando secuencias mitocondriales y marcadores AFLPs. Ambos tipos de marcadores muestran patrones concordantes, indicando que la zona atraviesa todos los sistemas hídricos desde el río Choapa hasta el Aconcagua en sentido noroeste-sureste. Sin embargo, los marcadores también revelan que la zona podría tener una geografía más compleja, ya que se detectaron poblaciones híbridas a menor altura en la parte sur de

la cuenca del Aconcagua. Se plantea una hipótesis para explicar el origen de esta zona de hibridación.

Financiamiento: Beca AT-24071045, Proyecto Postdoctoral Fondecyt 3110040, Fondecyt 1100558.

344. FILOGEOGRAFÍA DE *RHINELLA ARUNCO* (AMPHIBIA: BUFONIDAE) (Phylogeography of *Rhinella arunco* (AMPHIBIA: BUFONIDAE)).

Pastenes, L.¹; Vásquez, D.¹; Correa, C.^{1,2}; Palma, R. E.² y Méndez, M. A.¹

¹ Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

² Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity y Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Rhinella arunco (Molina, 1782) es una de las cuatro especies de anuros pertenecientes al género *Rhinella* en Chile. Se distribuye desde la IV Región (31°30'S) hasta la VIII (36°25'S), abarcando la cordillera de la Costa, la Depresión Intermedia y la cordillera de los Andes hasta los 1.350 msnm. Se caracterizaron genéticamente 27 poblaciones utilizando un marcador mitocondrial (región *D-loop*). Se establecieron los niveles de diferenciación genética utilizando análisis de Median Joining Network y un análisis molecular de varianza (AMOVA). Solo se observó una diferenciación genética entre las poblaciones del extremo sur (Regiones VI y VII). El AMOVA mostró que la pertenencia a la cordillera de la Costa, la Depresión Intermedia y la cordillera de los Andes no explica la mayor varianza entre las poblaciones.

Agradecimientos: Proyectos FONDECYT 1100558 y 3110040.

345. PATRONES FILOGEOGRÁFICOS DE DOS LINAJES DEL GÉNERO *NOLANA*: IMPORTANCIA DE LA FORMA DE VIDA Y EL RANGO GEOGRÁFICO (Phylogeographic patterns of two lineages of genus *Nolana*: importance of life form and geographical range).

Ossa P. G.^{1,2}, Pérez M. F.^{1,2}, Armesto J. J.^{1,2}

¹ CASEB, Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

² IEB, Instituto de Ecología y Biodiversidad.

La filogeografía estudia los procesos históricos que influyen los patrones espaciales de divergencia de los linajes y la diversidad de especies. Sin embargo en plantas, la diversidad genética de las poblaciones puede verse afectada también por factores ecológicos como la forma de vida y el rango geográfico.

Con el fin de dilucidar el rol de los procesos ecológicos e históricos en los patrones de diversificación, se compararon los patrones filogeográficos de dos linajes que difieren en forma de vida (arbustivas v/s herbáceas) del género *Nolana*, conformados por 3 y 4 especies respectivamente; utilizando el marcador cloroplastidial trnL-rpl32.

Se encontró que ambos linajes diversificaron hacia el sur, respondiendo probablemente a procesos históricos de aridización. Pero con diferencias en la diversidad genética, así como también en el grado de divergencia entre poblaciones y especies. El linaje de especies herbáceas presentó mayor diversidad y diferenciación entre especies que el linaje arbustivo. En ambos linajes, las especies con menor rango geográfico presentaron mayor diversidad genética. Estos resultados sugieren que los procesos ecológicos moldean los patrones de variación genética y debieran ser considerados al momento de interpretar filogeografías.

Socio Patrocinante: M. Fernanda Pérez.

Agradecimientos: CONICYT (AT N° 24091079), CASEB, IEB.

346. COMPARACIÓN DE LA ESTRUCTURA FILOGEOGRÁFICA DE TRES ESPECIES DULCEACUÍCOLAS DENTRO DE LA CUENCA DEL RÍO ITATA (Comparative phylogeographic structure of three freshwater species in the basin of the river Itata).

Bórquez, J.¹ & Gouin N.²

¹ Programa de Doctorado en Sistemática y Biodiversidad, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

² Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas, Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte, Coquimbo, Chile.

Eventos histórico climáticos y/o geológicos pueden tener un impacto importante sobre los patrones de estructuración poblacional observados dentro de las cuencas hidrográficas, y sus efectos pueden diferir entre especies en función de su capacidad de dispersión y biología. Mediante un análisis de secuencias de ADN mitocondrial (COI_{mt}) realizado en el insecto *Aquarius chilensis*, dos especies de aeglas (*Aegla pewenchae*, *Aegla araucaniensis*) y un molusco gastrópodo (*Chilina dombeyana*) se determinó la estructura y diversidad genética de sus poblaciones. Los niveles de variabilidad genética fueron bajos y las diferencias entre especies probablemente explicadas por las diferencias entre tamaños de refugios glaciares (*C.dombeyana*: $\pi=0.001$; *A.chilensis*: $\pi=0.005$, *A.pewenchae*: $\pi=0.007$; *A.araucaniensis*: $\pi=0.01$). Las redes de haplotipos revelan diferencias en el grado de estructuración. Para aeglas existe la formación de dos grandes grupos haplotípicos correspondientes a ambas especies de aeglas y un subgrupo menor que abre la interrogante de una tercera especie. En chilina existe evidencia de una única especie que se encuentra fragmentada en cuatro grupos de haplotipos a diferencia de *A. chilensis* que presenta una red haplotípica única de gran interconexión y pocos pasos mutacionales. Estas diferencias probablemente se traducen en capacidades diferenciales de dispersión entre las especies. Sin embargo, la presencia de 2/3 especies de aeglas dentro de esta cuenca sugiere que estas han tenido una historia evolutiva más compleja, con refugios múltiples, contactos secundarios, y/o con conexiones ancestrales dentro de la cuenca y con otras cuencas. La existencia de poblaciones mixtas de aeglas con haplotipos de las distintas especies confirma la existencia de contactos secundarios.

Patrocinio: Pedro Victoriano.

Agradecimientos: Fondecyt-1090404.Beca Apoyo Tesis Doctoral.

BIOLOGÍA MOLECULAR- BIOQUÍMICA-BIOTECNOLOGÍA

347. CONSTRUCCIÓN DE UN MAPA DE LIGAMIENTO EN CEREZO (PRUNUS AVIUM) CON MARCADORES DEL TIPO SNP ENCONTRADOS EN SECUENCIAS ROSBREED USANDO UNA POBLACIÓN OBTENIDA DE LA CRUZA ENTRE 2 VARIEDADES (BLACK TARTARIAN X KORDIA) (Construction of linkage map of RosBREED's SNP markers in sweet cherry (*Prunus avium*) using Black tartarian X Kordia populations).

Klagger, C.¹, Rosyara, U. R.⁴, Sebolt, A.⁴, Guzmán, A.², Gratacós, E.², Manzur, L.², Silva, H.³, Iezzoni, A. F.⁴ and Meisel, L.¹.

¹ Center of Plant Biotechnology, Andres Bello University carolako@gmail.com, lmeisel@gmail.com.

² Facultad de Agronomía, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

³ Departamento de Producción Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad de Chile.

⁴ Department of Horticulture, Michigan State University, East Lansing, USA.

Sweet cherry (*Prunus avium*) is an important fruit tree species. The construction of a genetic linkage map for this species is an important research goal to facilitate quantitative trait locus analysis and gene tagging for use in marker assisted breeding programs. RosBREED has recently designed a 6k SNP chip; however no linkage map has been constructed. In this work, a linkage map was constructed using a F1 population of 89 individuals from a cross between Black Tartarian x Kordia, the SNP genotyping was done using the Illumina iScan analyzer. We used 940 polymorphic SNPs out of a total 5696 SNPs. As this population is based on crosses of two import cherry cultivars, the results of this study will be useful for further research in development of markers for economically important traits.

Partially funded by INNOVA 07CN13PBT-167, ICM P06-065-F, PBCT R-11a, and USDA-NIFA-SCRI grant #2009-51181-05808 (RosBREED).

348. PRESENTACIÓN DE UN SISTEMA DE BASE DE DATOS BIOLÓGICA DE USO LIBRE: DISEÑO ACTUAL Y FUTURO (Presentation of a Biological Database System free: Present and future design).

Zamora-Manzur, C.

Departamento de Ecología Costera, Facultad de Ciencias, Universidad Católica de la Santísima Concepción, Concepción, Chile.

Construir una base de datos biológica va más allá de la construcción de una base de datos corriente, pues las distintas disciplinas biológicas requieren no solo una gran cantidad y diversidad de datos, sino además una interconexión especial entre ellos y la capacidad de generar diversas consultas, las cuales varían entre las distintas disciplinas y usuarios. Actualmente no son pocas las opciones para almacenar datos de colecciones biológicas, terreno y/o experimentos, y estamos aún lejos de encontrar un estándar para esto; sobre todo, cuando las disciplinas cambian constantemente en el tipo de datos empleados y la manera en que son utilizados. Se presenta un sistema de base de datos biológica diseñado para uso en computadores personales, que permite el almacenamiento local de información taxonómica, ecológica, genética, etc., con posibilidad de generar archivos de salida listos para ser analizados en otros programas; el cual a partir de ahora quedará disponible para su uso libre por investigadores que lo requieran y abierto a recibir retroalimentación para su mejoramiento. Se discuten aspectos del diseño de base de datos, sus capacidades actuales y potencialidades de implementación basada en estándares, que permitan el intercambio de información entre sistemas e investigadores; y la capacidad de desarrollo modular que permitiría a los usuarios la creación de nuevas funcionalidades.

Patrocinio: Parra, L. E.

349. RRN7, MIEMBRO DE LA MAQUINARIA DE LA RNA POLIMERASA I, SE UNE *IN VIVO* A LOS PROMOTORES DE LA RNA POLIMERASA II QUE CONTIENEN LA CAJA HOMOLD EN *SCHIZOSACCHAROMYCES POMBE* (In fission yeast, Rrn7, a member of the RNA polymerase I machinery, binds *in vivo* to RNA polymerase II promoters containing a Homold box).

Moreira-Ramos, S., Rojas, D. A., Maldonado, E.

Programa Biología Celular y Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

En *Schizosaccharomyces pombe*, un nuevo CPE que dirige la transcripción dependiente de RNA polimerasa II, llamado caja Homold, ha sido investigado. Rrn7, un miembro del *core factor* (CF) de la maquinaria de *pol-I*, ha sido descrito como parte del complejo de unión, sin embargo esto no ha sido corroborado *in vivo* y se desconoce si además de Rrn7, otro miembro del CF participa en este complejo. En este trabajo se estudió la unión a Homold de Rrn7 y Rrn11, otro miembro del CF. Mediante inmunoprecipitación de cromatina (ChIP) utilizando una cepa de *S. pombe* que expresa Rrn7-TAP y Rrn11-HA, se evaluó la unión a la región promotora que contiene la caja Homold, el elemento TATA o el promotor de una unidad de genes que codifican proteínas ribosomales (rDNA). Se determinó que solo Rrn7 es capaz de unirse *in vivo* a Homold, mientras que ambas proteínas presentan actividad de unión al promotor de rDNA y no hubo asociación al elemento TATA. En conclusión, este estudio demuestra por primera vez la asociación

de Rrn7 y promotores que contiene la caja Homold *in vivo*, independiente de la asociación con Rrn11.

FONDECYT 1080222.

350. RRN7, UN FACTOR DE TRANSCRIPCIÓN DE RNA POLIMERASA I, ES REQUERIDO PARA LA TRANSCRIPCIÓN DEPENDIENTE DE RNA POLIMERASA II DIRIGIDA POR PROMOTORES MÍNIMOS QUE CONTIENEN UNA CAJA HOMOLD EN *SCHIZOSACCHAROMYCES POMBE* (Rrn7, an RNA polymerase I transcription factor, is required for RNA polymerase II-dependent transcription directed by core promoters with a Homold box sequence in *Schizosaccharomyces pombe*).

Rojas, D.A., Moreira-Ramos, S., Maldonado, E.

Programa Biología Celular y Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

En la levadura de fisión *Schizosaccharomyces pombe* un nuevo CPE, llamado caja Homold, fue descubierto. Este elemento se ha identificado en los genes que codifican proteínas ribosomales y en otros genes constitutivos de la levadura. En este trabajo mostramos que la transcripción dirigida por la caja Homold requiere la maquinaria de RNAPII, que incluye los factores generales (GTFs). Interesantemente, a través de purificación de proteínas, se logró identificar el factor de transcripción Rrn7 como la proteína de unión a la caja Homold. La proteína recombinante mostró actividad específica de unión. Como Rrn7 forma parte del complejo "core factor" junto a Rrn6 y Rrn11, envuelto en el reconocimiento del promotor rDNA, se decidió investigar si Rrn7 se une sola o como complejo a la caja Homold. A través de EMSA y usando una cepa que contiene TAP-Rrn7 y HA-Rrn11, encontramos que Rrn7 se une por sí sola a la caja Homold y no requiere Rrn11. Finalmente se ha logrado identificar una red de interacciones proteicas entre Rrn7 y GTFs, como TBP y TFIIB, explicando cómo se establecería el complejo de preiniciación.

351. OPTIMIZACIÓN DE LAS PROPIEDADES ANTIOXIDANTES DEL BRÓCOLI MEDIANTE FORTIFICACIÓN CON SELENIO (Optimization of the antioxidant properties of broccoli through fortification with selenium).

Mahn^a A., Barrientos^b H., Moenne^b A., Reyes^a A.

^a Departamento de Ingeniería Química, Universidad de Santiago de Chile.

^b Departamento de Biología, Universidad de Santiago de Chile. andrea.mahn@usach.cl

El selenio es un elemento traza esencial para los mamíferos, que además ofrece propiedades anticancerígenas y antioxidantes. El brócoli tiene la capacidad de acumular selenio, y por lo tanto, presenta potencial como alimento funcional. En plantas, el selenio no se considera esencial, sin embargo se sabe que juega un rol fundamental en el sistema de defensa antioxidante. El objetivo de este trabajo fue investigar el efecto de la estrategia de fertilización con selenio (como selenato de sodio) sobre las propiedades antioxidantes del brócoli.

Se utilizaron nueve grupos experimentales y un grupo control, compuestos por dieciséis plantas cada uno. Los grupos experimentales fueron fertilizados con diferentes dosis de Na₂SeO₄ por diferentes períodos de tiempo. Las plantas se cultivaron en macetas individuales, con tierra de hoja, en un sombreadero. Después de 4 meses se cosecharon las cabezas de brócoli y se cuantificaron sus propiedades antioxidantes: polifenoles totales, actividad antirradicalaria y concentración de selenio.

Se identificó las condiciones óptimas de fertilización que permitieron mejorar significativamente las propiedades antioxidantes del brócoli. Los polifenoles totales se incrementaron en un 33%, la actividad antirradicalaria en un 26% y la concentración de selenio en un 88%.

Agradecimientos: Proyecto Fondecyt N°1100437 y DICYT-USACH.

352. CARACTERIZACIÓN DEL GEN ASCORBATO PEROXIDASA (APX) EN UNA ESPECIE USADA EN FITOESTABILIZACIÓN (Characterization of ascorbate peroxidase gene in a plant specie used in phytostabilisation).

Barros, D., Mardones, C. y Ortiz, C.

Laboratorio de Bioquímica Vegetal y Fitorremediación, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Albizia lophantha es una leguminosa introducida para estabilización de un relave de cobre en la III Región. El relave presenta alta salinidad y contenido de cobre mayor a 2,5 g kg⁻¹. El cobre intracelular provoca estrés oxidativo mediante producción de especies reactivas de oxígeno (EROs), como el H₂O₂, el cual es reducido a H₂O por actividad de la enzima APX.

Ensayos realizados en plantas de *A. lophantha* tratadas tanto con soluciones sintéticas de cobre como con sustrato de relave mostraron aumentos en la actividad de APX. Por lo tanto, es importante conocer la estructura y elementos regulatorios en *cis* del gen *apx* involucrado en plantas adaptadas a condiciones de altos niveles del metal. Se obtuvieron las secuencias completas de DNA y cDNA del gen *AlAp_x1* utilizando SEFA-PCR y RACE-PCR. El CDS de *AlAp_x1* consta de 753pb, codifica para una proteína de 251 aminoácidos, cuyo peso molecular es de 27 KDa. Análisis bioinformáticos del promotor de este gen muestran elementos de respuesta a cobre del tipo 'GTAC', similares a los motivos MRE involucrados en la expresión en respuesta a metales pesados en

genes Metalotioneina de animales. El análisis permite evidencia una estructura génica que daría cuenta de la inducción génica y respuesta frente a niveles aumentados de H₂O₂ en plantas de *A. lophantha*.

Agradecimientos Proyecto CORFO 09CN14-5795.

353. ACTIVIDAD ENZIMÁTICA REDUCTORA DE H₂O₂ EN PLANTAS DE POLYPOGON AUSTRALIS TRATADAS CON RIL MINERO (H₂O₂-scavenging enzyme activity in *Polygogon australis* plants treated with Liquid Wastes from Mining Activities).

Jara D., Ortiz C. & Muñoz A. Laboratorio de Bioquímica Vegetal y Fitorremediación. Facultad de Química y Biología. Universidad de Santiago de Chile.

Polygogon australis es una gramínea nativa que crece en sitios contaminados con altos niveles de cobre. La acumulación de metales pesados en tejidos de plantas puede gatillar un estrés oxidativo. En este trabajo se estudió el efecto del tratamiento de *P. australis* con un RIL de la minería cuprífera sobre parámetros fisiológicos, y la correlación del tratamiento con los niveles de H₂O₂, MDA y actividad enzimática reductora de H₂O₂. Se encontró que la disminución de pH en el RIL aumentó la solubilidad y acumulación de cobre en plantas tratadas. El contenido de MDA aumentó significativamente en hojas y raíces de plantas tratadas. El nivel de H₂O₂ aumentó en raíces tratadas. Esto se correlacionó con un aumento de CAT, APX, GPX, G-POD y PRX dp-TRX en plantas tratadas con RIL pH 6.7 y RIL acidificado pH 5.1, aunque a pH neutro no se vio afectado el fenotipo. Estos resultados indican que la exposición al RIL activó el sistema enzimático reductor de H₂O₂ en tejidos de plantas tratadas independientemente de la solubilidad y biodisponibilidad de cobre, pero resultando en un fenotipo de toxicidad diferente y dependiente de la acumulación de cobre.

Agradecimientos Proyecto CORFO 09CN14-5795.

354. CARACTERIZACIÓN DE LA PROTEÍNA DE TRANSPORTE DE LÍPIDOS (LJLTP10) Y SU ROL EN TOLERANCIA A SEQUÍA EN LOTUS JAPONICUS. (Characterization of lipid transfer protein (LjLTP10) and role for drought tolerance in *Lotus japonicus*).

***Tapia, G.¹**, Parra, C.¹, Alcorta, M.¹, Urtubia, I.¹, Berbel, A.², Madueño, F.²

¹ Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA-Quilamapu), Chillán, Chile.

² Instituto de Biología Celular y Molecular de Plantas (IBMCP), Valencia, España.

La sequía es un problema que afecta los cultivos, llevando a reducciones considerable en la productividad, lo que depende de su intensidad y duración. Las distintas especies vegetales poseen capacidades variables de tolerancia a estrés hídrico. En gran parte esta tolerancia esta dada por su capacidad de retener el agua presente en sus tejidos. Las hojas son el órgano por el cual se pierde la mayor cantidad de agua en las plantas. Los estomas y la cutícula son las vías por las que esto ocurre. Por esta razón una de las primeras respuestas frente a deficiencia hídrica es el cierre de los estomas. La cutícula está compuesta de ceras y cutina las cuales son sintetizadas en las células epidermales. Estas son transportadas desde el citoplasma hacia el espacio extracelular por mecanismos no claramente definidos. En este trabajo se describe una proteína de transferencia de lípidos (LjLTP10) la cual es expresada normalmente en *Lotus japonicus*, e inducida en tallos y fuertemente inducida en hojas. Mediante estudios de hibridación in situ se encontró que los transcritos del gen LjLTP10 son específicamente expresados en las células epidermales de tallos y hojas. Estudios de análisis in silico han demostrado que esta proteína presenta cavidades de unión al ligando Palmitoil CoA, un precursor de componentes cuticulares. Estos resultados sugieren que LjLTP10 tiene un importante rol en la formación de la cutícula y en la regulación de su composición frente a estrés hídrico en *L. japonicus*.

355. ACTIVACIÓN DE PEROXIRREDOXINAS EN RESPUESTA AL EXTRÉS OXIDATIVO CAUSADO POR COBRE EN LAS MACROALGAS SCYTOSIPHON GRACILIS Y LESSONIA NIGRESCENS (PHAEOPHYCEAE) (Peroxiredoxins activation in response to copper induced-oxidative stress in the macroalgae *Scytosiphon gracilis* and *Lessonia nigrescens* (Phaeophyceae)).

Lovazzano, C.^{1,2}, Correa, J. A.², Contreras-Porcía, L.^{1,2}

¹ Departamento de Ecología y Biodiversidad, UNAB, Santiago-Chile.

² Departamento de Ecología, CASEB-PUC, Santiago-Chile.

Las peroxirredoxinas (PRXs) son un conjunto de enzimas capaces de reducir diversos peróxidos (e.g. lipoperoxidos). Una sobreproducción de peróxidos puede llevar a la oxidación de biomoléculas, por lo cual las PRXs cumplen un rol fundamental en el metabolismo antioxidante. En algas, se ha sugerido la participación de estas enzimas como mecanismo de tolerancia a metales. En *Scytosiphon gracilis* expuesto a excesos de cobre se ha descrito un aumento en la expresión PRX. Sin embargo, la funcionalidad de estas enzimas como parte de los mecanismos antioxidantes no ha sido estudiada. En este trabajo se evaluó la participación de PRX frente a estrés por cobre, determinando la actividad enzimática y niveles de expresión proteica en *S. gracilis* (especie tolerante) y *Lessonia nigrescens* (especie sensible) expuestas

a distintas concentraciones del metal (0-100 μg cobre L^{-1}). Los niveles de actividad en *S. gracilis* fueron superiores a *L. nigrescens* en todas las concentraciones de cobre. En *L. nigrescens* se observó una inhibición de la actividad a bajas concentraciones (10 μg cobre L^{-1}), coincidente con un aumento de lipoperoxidos. Mediante inmunofluorescencia se demostró que en *L. nigrescens* la expresión PRX no varió frente a cobre y que en *S. gracilis* aumentó. Esto sugiere que la tolerancia a cobre en *S. gracilis* podría resultar de una eficiente activación PRX en comparación con *L. nigrescens*.

FONDECYT 11085019, FONDAP 1501-0001 Programa 7 & ICA.

356. GENOTIPIFICACIÓN DE VARIEDADES COMERCIALES DE CEREZO (*PRUNUS AVIUM*) USANDO MARCADORES MOLECULARES TIPO SSR (Molecular Characterization of Commercial Sweet Cherry (*Prunus avium*) Varieties using *Prunus* SSR Molecular Markers).

Barindelli, E.¹, Klagges C.¹, Guzmán A.², Gratacós E.², Mansur L.², Silva H.³ and Meisel L.¹

¹ Laboratorio de Genética Molecular Vegetal, Centro de Biotecnología Molecular, Universidad Andrés Bello. República 217. Santiago, Chile. elena.barindelli@gmail.com, carolako@gmail.com, lmeisel@gmail.com

² Facultad de Agronomía, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. San Francisco s/n. La Palma, Quillota, Chile.

³ Departamento de Producción Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad de Chile. Santa Rosa 11315. La Pintana, Santiago.

Chilean sweet cherries (*Prunus avium*) have recently become one of the most competitive, export fruit crops. The cherry fruit industry in Chile has the potential to expand and increase the production, quality and volume of exported cherries. Towards this end, a Chilean Cherry Marker-Assisted Breeding Program was established in 2008 (www.biocerezas.cl). As part of this program, we have molecularly characterized commercial sweet cherry varieties using SSR molecular markers that have been described previously in other *Prunus* species. Using Genescan analyses of multiloaded fluorescently-labelled SSRs, we have genotyped 47 commercial sweet cherry varieties with 23 *Prunus* SSRs. These analyses provide molecular evidence of the differences between the varieties.

Funding was provided by INNOVA 07CN13PBT-167, ICM P06-065-F and Proyecto Redes PBCT R-11a

357. IDENTIFICACIÓN Y VALIDACIÓN DE SNPS CONSERVADOS ENTRE *PRUNUS PERSICA* Y *PRUNUS AVIUM* (Identification and validation of SNPs that are conserved between *Prunus persica* and *Prunus avium*).

Briceño, N., Araya, I., Delgado, N., Vizoso, P., and Meisel, L. Plant Molecular Genetics Laboratory, Center of Plant Biotechnology, Universidad Andrés Bello, Av. República 217, 837-0146 Santiago, Chile. nicolasjbh@gmail.com, lmeisel@unab.cl.

Debido al gran interés económico en la exportación de duraznos y cerezas con cualidades mejoradas, es necesaria la temprana identificación de variedades con características fenotípicas ventajosas para la economía chilena. Debido a los altos niveles de similitud encontrados en miembros del género *Prunus*, en nuestro laboratorio se ha estado trabajando no solo con el fin de identificar SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) en cada especie estudiada: *Prunus persica* y *Prunus avium*, sino también SNPs conservados entre ambas, para ser usados en programas de mejoramiento genético. En este contexto, el análisis *in silico* de secuencias de ADN de diversas variedades de duraznos y cerezas nos ha permitido identificar putativos SNPs. Estos SNPs han comenzado a ser validados mediante la técnica de HRM (High Resolution Melting) y secuenciación. La asociación entre estos polimorfismos y los genes involucrados en la calidad de la fruta es importante para programas de mejoramiento genético asistido por marcadores moleculares, puesto que permite la identificación temprana de características provechosas en variedades frutales.

Funding was provided in part by INNOVA 07CN13PBT-167, Consorcio Biofrutales, Fondef G071100, ICM P06-065-F and Proyecto Redes PBCT R-11a.

358. EL ESTRÉS POR ALTA TEMPERATURA MODULA LA EXPRESIÓN DEL PROMOTOR *ATPH1;4* EN TRIGO TRANSGÉNICO (Heat stress modulates *AtPht1;4* promoter strength in transgenic wheat).

Peñaloza, E.¹, Díaz L.², Corcuera L. J.¹, Silva H.³

¹ Depto. Botánica, U. de Concepción, Concepción

² INIA Carillanca, Temuco

³ Depto. Producción Agrícola, Fac. Agronomía, U. de Chile, Santiago.

* epenaloza@udec.cl

Los genes *Pht1* codifican proteínas de membrana conocidas como transportadores de fosfato de alta afinidad en plantas. Dentro de esta familia de genes, *Pht1;4* se expresa en raíces y es modulado específicamente por la disponibilidad de fósforo (P). Además de motivos propios de la respuesta a P, el promotor *Pht1;4* posee elementos en *cis* asociados a estímulos ambientales que podrían potencialmente alterar su expresión. Con el propósito de determinar si el estrés por alta temperatura también regula al promotor *Pht1;4*, plantas de trigo que portan *Pht1;4* de *Arabidopsis* fusionado a *gus* (*AtPht1;4:gus*) se sometieron a 37°C por 0, 2, 4 y 8 h. El estrés se impuso en plantas mantenidas en solución nutritiva evaluándose expresión y actividad GUS de raíces. La expresión del gen reportero *gus* aumentó significativamente a las 2 h de exposición a 37°C, en tanto que el incremento en la actividad GUS ocurrió a las 8 h de inducido el estrés. Estos resultados indican que la alta temperatura altera la expresión de *AtPht1;4* en trigo, lo que agregaría un regulador más a un promotor reconocido como modulado específicamente por la deficiencia de P.

Proyecto financiado por FONDECYT 1090571 y Millennium Nucleus in Plant Cell Biotechnology (PCB) ICM P06-065-F.

359. LA PROTEÍNA VIRAL TAX PRODUCE RETRACCIÓN Y RETARDO EN EL DESARROLLO NEURÍTICO EN MODELOS NEURONALES DE PARAPARESIA ESPÁSTICA (Viral protein Tax produces retraction and retardation of neuritic development in neuronal models of Spastic Paraparesis).

Rivera, M., Maldonado, H., Valenzuela, M. A. Depto Bioquímica y Biología Molecular. Facultad Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

La Paraparesia Espástica Tropical es una enfermedad neurodegenerativa asociada al virus HTLV-I que afecta el tracto corticoespinal. El virus infecta principalmente linfocitos T CD4+ sin infectar neuronas. Los efectos deletéreos se atribuirían a productos virales secretados por los linfocitos, siendo la proteína Tax el blanco de estudio de nuestro laboratorio. Anteriormente hemos demostrado la presencia de Tax en plasma de pacientes y portadores asintomáticos del virus, esto apoya la proposición de que esta proteína desencadenaría el daño en el SNC. En este trabajo se bloqueó el efecto de Tax mediante el uso de anticuerpos monoclonales anti-Tax. Células SH-SY5Y diferenciadas a tipo neuronal expuestas a medios de cultivo de células MT2 (que poseen el provirus inserto) experimentan retracción, efecto que es bloqueado por los anticuerpos. Cultivos celulares de PC12 en presencia de productos virales durante su diferenciación, muestran un retardo en el desarrollo neurítico que se previene al adicionar anticuerpos anti-Tax al medio de cultivo. Con esto podemos afirmar que el efecto deletéreo observado en ambos modelos celulares se asocia directamente a la presencia de Tax. Este trabajo sirve como antecedente para estudios futuros con anticuerpos como terapia para la paraparesia espástica asociada al HTLV-I.

Financiamiento: Fondecyt 108-0396.

360. PRODUCTOS SECRETABLES DE HTLV-1 PRODUCEN RETRACCIÓN EN CÉLULAS SH-SY5Y ASOCIADO AL AUMENTO EN LA FOSFORILACIÓN DE CRMP-2 EN S522 (Secreted HTLV-I products produce retraction in SH-SY5Y cells associated with an increase in CRMP-2 phosphorylation at S522).

Reyes, J., Iannuzzi, S., Valenzuela, M. A. Depto Bioquímica y Biología Molecular. Facultad Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

CRMP-2 es una proteína citosólica que se expresa en altos niveles en el sistema nervioso en desarrollo aumentando la elongación de los conos axonales. Su regulación se basa en la fosforilación/desfosforilación de residuos de la zona C-terminal. En su estado fosforilado se inactiva lo que conlleva a una retracción neurítica. La fosforilación de CRMP-2 ocurre vía Rho quinasa en Thr555, y por Cdk5 en Ser522. En nuestro grupo se ha utilizado como modelo de estudio de la enfermedad Paraparesia Espástica Tropical que produce una axonopatía central el cultivo de neuroblastoma humano de células SHSY-5Y diferenciadas a tipo neuronal con ácido retinoico y BDNF. Estudios previos han mostrado que los productos virales del HTLV-1 insertado en células linfocitarias MT2 sobre estas células diferenciadas producen retracción neurítica. A fin de dilucidar si este efecto se asocia a cambios en la fosforilación de CRMP-2 se ha determinado por western blot si en lisados celulares de SHSY-5Y hay cambios en la fosforilación de estos residuos. Los resultados han mostrado que concomitante con la retracción hay un aumento de la fosforilación en Ser522 pero no en Thr555. Estos resultados concuerdan con antecedentes de que Cdk5 estaría aumentada.

Financiamiento: Fondecyt 108-0396.

361. ANÁLISIS DE DETERMINACIÓN DE MAP1B EN MUESTRAS DE CEREBRO DE RATA Y CÉLULAS PC12 DIFERENCIADAS A TIPO NEURONAL (MAP1B determination in rat brain and in PC12 cells differentiated to neuronal type).

Vásquez, C., Pando, M. E., Kettlun, A. M., Collados, L., Valenzuela, M. A.

Departamento Bioquímica y Biología Molecular, Facultad Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

MAP1B está asociada a proteínas del citoesqueleto influyendo en la estabilidad de los microtúbulos, microfilamentos y conos de crecimiento axonal. Su función se encuentra modulada por fosforilación, en esta se distinguen al menos dos modos, participando en el modo I Cdk5 y GSK3 β . En estudios previos del grupo se ha encontrado en neuroblastoma humano un aumento de la actividad de Cdk5 sin cambios en la de GSK3 β . Además, la presencia de productos virales, secretados desde linfocitos infectados con el retrovirus HTLV-I, producen un retardo significativo del desarrollo neurítico en células PC12 diferenciadas a tipo neuronal por NGF. Esto nos ha motivado a determinar si hay cambios en el grado de fosforilación del modo I en dichos cultivos celulares. Debido al elevado tamaño de MAP1B fue inicialmente necesario lograr identificar la proteína mediante western blot usando extracto de cerebro de ratas. Se procedió a modificar las condiciones del porcentaje de poliacrilamida y uso en gradiente 4-15%; las condiciones de transferencia, incluyendo pH, detergentes y amperaje. Con las condiciones óptimas se determinó en lisados celulares de PC12 la presencia de MAP1B y su inmunoreactividad frente a anticuerpos que reconocen la fosforilación de modo I.

Financiamiento Fondecyt 108-0396.

362. ESTUDIO DE LA EVOLUCIÓN DE LA OSTEOGÉNESIS MEDIANTE LA GENERACIÓN DE NUEVOS VECTORES DE TRANSGÉNESIS (A study of the evolution of osteogenesis using new transgenesis vectors).

Otárola, G.¹; Jara, F.¹; Pastenes, L.²; Méndez, M.²; Marcellini, S.¹

¹ Universidad de Concepción.

² Universidad de Chile.

Para entender la evolución biológica, es indispensable asociar diferentes fenotipos con cambios de desarrollo embrionario y con modificaciones de actividades génicas. En el caso de *Xenopus tropicalis* y *Rhinella spinulosa*, estas dos especies de anuros evolucionaron diferentes morfologías y comportamientos. En particular, durante la metamorfosis, estas especies presentan diferencias profundas a nivel de la morfogénesis del cráneo. En el presente trabajo describimos un fuerte retraso de la deposición de matriz mineralizada en *Rhinella* respecto de lo observado en *Xenopus*. Proponemos que cambios en la actividad génica regulan negativamente la diferenciación de las células depositarias de hueso (osteoblastos). Para testear esta hipótesis es necesario disponer de herramientas moleculares que permitan modificar experimentalmente la expresión de genes relacionados con el desarrollo óseo en larvas de anfibios. Para ese efecto generamos vectores de transgénesis permitiendo tres diferentes técnicas de inserción genómica: Integrasa phiC31, transposasa Tol2 y Meganucleasa. Estos vectores contienen elementos de clonamiento GATEWAY y nos han permitido probar de forma rápida la eficiencia de transgénesis en *X. tropicalis*. Además,

logramos reportar por primera vez transgénesis mediada por phiC31 en esta especie, mostrando una eficiencia de 30%. El uso de estas herramientas moleculares versátiles y multifuncionales permitirá investigar las bases genéticas de cambios evolutivos en anfibios.

Agradecimientos: FONDECYT regular 1110756.

363. DUPLICACIÓN GÉNICA Y SELECCIÓN POSITIVA EXPLICAN ROLES FISIOLÓGICOS INUSUALES DEL GEN DE LA RELAXINA EN EL CONEJO EUROPEO (Gene duplication and positive selection explains unusual physiological roles of the relaxin gene in the European rabbit).

Arroyo, J. I., Opazo, J. C.

Laboratorio de Genómica Evolutiva, Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución, Universidad Austral de Chile.

La familia génica de las relaxinas es un grupo de genes que realiza una amplia variedad de funciones asociadas a la reproducción. En mamíferos esta familia génica se encuentra distribuida en tres locus (RFLA, B y C) localizados en cromosomas diferentes. El gen de la relaxina, localizado en el locus RFLB en el conejo europeo (*Oryctolagus cuniculus*), además de los roles reproductivos clásicos, también es expresado por las células epiteliales traqueobronquiales, de modo que se ha sugerido un rol fisiológico de este gen en la diferenciación escamosa. En este trabajo se estudió la estructura genómica del locus RFLB en el conejo europeo, así como el rol de la selección natural en la adquisición de esta nueva función no descrita anteriormente en otros mamíferos. Los resultados sugieren que el conejo europeo tiene una estructura genómica que es única en mamíferos. Esta especie esta caracterizada por poseer cinco copias del gen RLN2 dispuestas en tándem, originadas vía duplicación génica. Adicionalmente, también encontramos que antes del evento de duplicación el gen ancestral estuvo sujeto a la acción de la selección positiva, mientras que después de este evento experimentó una fuerte selección purificadora.

Trabajo financiado por el proyecto FONDECYT N°11080181.

364. DESARROLLO DE UN KIT DE DIAGNÓSTICO PARA LA DETECCIÓN DE *HELICOBACTER PYLORI* (Development of a diagnostic kit for detection of *Helicobacter pylori*).

Catrileo, C.; Venegas, A.
Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Biotecnología de Vacunas, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago.

Helicobacter pylori es una bacteria Gram negativo asociada al desarrollo de una gran variedad de enfermedades gastrointestinales, que incluyen gastritis crónica y úlcera gástrica, y es considerado un agente importante para el desarrollo de cáncer gástrico. Los métodos rutinarios de detección de esta bacteria se basan en la actividad de ureasa e identificación histológica detectables en biopsias, ensayos no muy confiables ni sensibles. Existen métodos moleculares como PCR de genes ribosomales y otros específicos, sin embargo, estos ensayos no están diseñados para discriminar virulencia entre cepas.

Se desarrolló un kit basado en dos ensayos simultáneos de PCR múltiple que aseguran la identificación de *H. pylori* y la detección de cepas que difieran en virulencia. El ensayo consiste en amplificación de segmentos de genes conservados para la identificación del patógeno, y la de otros asociados a virulencia, ambos grupos seleccionados por información obtenida de 9 cepas secuenciadas. Se demostró que el kit es capaz de detectar específicamente *H. pylori* y diferenciarla de otras cepas gastrointestinales, definiendo, además, las características de virulencia. El kit está siendo evaluado en muestras de pacientes para definir su reproducibilidad, selectividad y especificidad.

Financiamiento: BMRC CTU-06 Área 5.

365. EXPRESIÓN EN *L. LACTIS* DE PROTOTIPO DE VACUNA ORAL CONTRA *HELICOBACTER PYLORI* (Expression in *L. lactis* of an oral vaccine prototype against *H. pylori*).

Berkowitz, L.; Melo, F.; Mosqueira, M.; Venegas, A.
Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Biotecnología de Vacunas, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago.

Lactococcus lactis es un Gram positivo calificado como probiótico. Es un buen candidato como portador de antígenos heterólogos para diseñar una vacuna oral por su capacidad de estimular el sistema inmune en forma local y sistémica, sin representar riesgos para el consumo humano. Se propone como vector para expresión de fusiones traduccionales entre un antígeno de *Helicobacter pylori* y otra proteína con cualidades de adyuvante. En el laboratorio previamente se observó que PorA de *N. meningitidis*, específicamente, un fragmento que incluye los aminoácidos 50 al 222 mejoraba la respuesta sérica contra el antígeno HpaA de *H. pylori* al cual se ha fusionado via C-terminal de PorA. Para extender estos estudios se construyeron quimeras PorA-Lpp20 y PorA-HspB siendo Lpp20 y HspB antígenos conservados e inmunogénicos de *H. pylori*. Las quimeras se ligaron al plásmido pSEC, inducible por nisina, y se transfirieron a *L. lactis* NZ9000. Ambas fusiones se expresaron adecuadamente en el probiótico. A diferencia de lo observado con Lpp20 solo, ninguno de los híbridos fue secretado al exterior. Queda por demostrar si este comportamiento de las quimeras limita su inmunogenicidad en un modelo murino.

Financiamiento: FONDECYT 1085232, BMRC CTU-06 Área 5.

BOTÁNICA

366. PERFILES FENÓLICOS DE MIEL MONOFLORAL Y DE LA FLORA QUE LA ORIGINA (Phenolic profiles of unifloral honey and flora of origin).

Santander, F., Fredes, C., Montenegro, G.
Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile - Av. Vicuña Mackenna 4860 Macul Santiago de Chile.
fxsantan@uc.cl, cpfredes@uc.cl, gmonten@uc.cl

Chile se caracteriza por la gran diversidad de flora nativa y su alto endemismo, la que es utilizada de forma selectiva por la abeja melífera (*Apis mellifera*) para obtener néctar de las flores que utilizará para formar miel, cuyas características organolépticas y actividad biológica dependerán de las especies vegetales que participan en su formación, las que pueden ser identificadas mediante análisis melisopalinológico. La actividad biológica la miel pueden ser atribuidas a la presencia de ciertas moléculas heredadas de las plantas, tales como los compuestos fenólicos, licopeno y beta-caroteno entre otros, los que son concentrados debido al proceso de deshidratación por el que pasa la miel durante elaboración. Este estudio se centra en la determinación de perfiles de compuestos fenólicos presentes en miel monofloral y de flores de especies nativas chilenas mediante análisis de cromatografía líquida de alto rendimiento con el objetivo de determinar marcadores florales del origen botánico de la miel.

Agradecimientos: FONDECYT GRANT 1110808 a Gloria Montenegro Rizzardini.

367. EFECTO DEL FÓSFORO EN EL CRECIMIENTO Y DESARROLLO DE RAÍCES PROTEOIDEAS EN EL ARBUSTO ENDÉMICO *ORITES MYRTOIDEA* (PROTEACEAE) (Phosphorous effect on growth and cluster roots formation on the endemic shrub *Orites myrtoidea*).

Díaz, M.; Zuñiga, A.
Laboratorio de Fisiología vegetal, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Las raíces proteoideas (RP) son densos conglomerados que mejoran el abastecimiento de fósforo (P) en plantas que crecen en suelos con limitaciones nutricionales, siendo inducidas por deficiencia de P. Debido a que los suelos del sur de Chile, de origen volcánico, presentan alta retención de P, se estudió el efecto de la concentración de P en la inducción de dichas estructuras, en el arbusto endémico *Orites myrtoidea*. Se realizaron cultivos hidropónicos con plántulas recién emergidas, producidas a partir de semillas colectadas en la cordillera de los Andes (37° Lat S), se usaron distintas concentraciones de fósforo en solución: 50 μ M, 100 μ M, 250 μ M, solución nutritiva completa Hoagland y agua destilada, las soluciones fueron aireadas permanentemente. Las plántulas fueron mantenidas en cámara de cultivo a 20°C y 120 μ mol fotones m² seg⁻¹ por dos meses, evaluando periódicamente su sobrevivencia y crecimiento. Los resultados mostraron un 100% de sobrevivencia, sin diferencias significativas en la formación de RP y RP/Raíz total entre tratamientos. *O. myrtoidea* mostró alta tolerancia al exceso de P e insensibilidad a deficiencia de P, como mecanismo inductor de P. Dichas características, estudiadas por primera vez para esta especie endémica chilena, contrastan con las respuestas observadas en Proteáceas Australianas.

Fondecyt 11080162.

368. RELACIÓN CALCIO SUSTRATO/PLANTA EN ESPECIES CHILENAS DEL GÉNERO *GUNNERA* (Relation Calcium substrat/plant in Chilean species of *Gunnera* genus).

Solís, J. L.; San Martín, C.; Quiroz, E.
Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución e Instituto de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Algunas familias de plantas con flores pueden secuestrar Calcio del suelo, absorbiéndolo por las raíces y conduciéndolo vía xilemática, para acumularlo como Oxalato de Calcio (CaC_2O_4) insoluble en vacuolos de células especializadas llamadas idioblastos. Aún no se sabe si el Calcio presente en plantas que acumulan cristales de Oxalato de Calcio, depende de la concentración de dicho elemento en el suelo. Se trató de responder a esta interrogante comparando el contenido de Calcio en 3 especies chilenas del Género *Gunnera* (*G. magellanica*, *G. berteroi* y *G. tinctoria*) con el de sus correspondientes sustratos (escoria volcánica, dunas de arena y suelo orgánico). El contenido de Calcio fue bajo en el sustrato de *G. magellanica*, pero, aumentó en los de las otras dos especies, presentándose en todos ellos una clara correlación negativa entre el contenido de Calcio en el suelo y el contenido de este elemento en la planta. Lo anterior indica que en suelos pobres en Calcio se produce una acumulación en la planta, confirmándose que el contenido de Calcio en los cristales de Oxalato de Calcio en la planta es un reservorio de dicho elemento, acumulándose principalmente en el pecíolo, único órgano que presentó una correlación positiva con el contenido de Calcio en el suelo.

369. EFECTO DE UN FITOTRATAMIENTO SOBRE PARÁMETROS QUÍMICOS Y FÍSICOS DE UN RIL MINERO (Effect of a phytotreatment on physical and chemical parameters of a liquid mine waste).

Espinoza, G., Ortiz, C. & Rubio, M.
Laboratorio de Cinética y Química Ambiental, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Producto de la actividad minera extractiva del cobre existen vertidos de residuos líquidos industriales (RILes) con altos niveles de cobre, que son descargados en aguas superficiales alterando ecosistemas. En el desarrollo de nuevas técnicas de tratamientos de estos RILes mineros, se ha estudiado el uso de especies vegetales tolerantes a cobre cuya solubilidad depende del pH de la solución. Además, otro agente presente en estos RILes son iones sulfato SO_4^{2-} , originados por la oxidación de minerales sulfurados.

En un sistema *batch*, se simuló un tratamiento tipo *wetland* de un RIL minero utilizando plantas de *Polypogon australis*. Se evaluó semanalmente la variación de parámetros fisicoquímicos, presencia de cobre y sulfato en las muestras de Ril, además de la tasa de incorporación de cobre y hierro en las plantas. Mediante diagramas de *pourbaix* se interpretó la especiación química del cobre a distintos valores de pH y potencial redox.

Solo se observaron variaciones en pH y ORP durante 2 semanas de fitotratamiento. El pH aumentó ligeramente lo que optimizaría el proceso de biotransformación de cobre así como la variación negativa de potencial redox, favorece la sedimentación del elemento. No hubo variación de Sulfatos en 4 semanas de tratamiento, indicando que la molécula no es empleada como macro nutriente por las plantas. Durante un mes de fitotratamiento existe absorción y secuestro de cobre con una tasa de 0,498 mg/día y de hierro de 0,431 mg/día. Los estudios

empíricos a extracciones secuenciales selectivas demostraron que el cobre está asociado en mayor proporción a minerales carbonatos y sulfatos.

Agradecimientos a proyecto Corfo-Innova 09CN14-5795.

370. ÍNDICES DE CALOR GENÉTICO Y ÁREAS PRIORITARIAS PARA LA CONSERVACIÓN EN LA ISLA ALEJANDRO SELKIRK, ARCHIPIÉLAGO DE JUAN FERNÁNDEZ, CHILE (Genetic heat indices and high-priority areas for the conservation in the island Alexander Selkirk, Archipelago Juan Fernandez, Chile).

Peñailillo¹, P. López², P. Baeza³, M., Stuessy², T., Greimler², J., Ruiz¹, E., Novoa⁴ P., y Gatica⁵ A.

¹ Departamentode Biología Vegetal y Biotecnología, Universidad de Talca, e-mai: ppenaili@utalca.cl

² Department of Systematic and Evolutionary Botany, University of Vienna.

³ Departamento de Botánica, Universidad de Concepción.

⁴ Jardín Botánico de Viña del Mar.

⁵ Departamento de Biología, Universidad de La Serena.

El Archipiélago de Juan Fernández está conformado por 3 islas, Robinson Crusoe, Santa Clara y Alejandro Selkirk. El elevado endemismo vegetal presente en el grupo de islas lo hace un lugar único en el planeta. Sin embargo, el impacto que ha producido la introducción de numerosas especies exóticas desde su descubrimiento en 1574 ha provocado importantes pérdidas en la vegetación endémica del Archipiélago. La isla Alejandro Selkirk, considerada la más joven del grupo, comienza a sentir la misma presión debido a la introducción de especies exóticas, de esta forma surge la necesidad de definir áreas prioritarias de conservación dentro de esta isla.

Para obtener las áreas prioritarias se utilizó el Índice de Calor Genético (ICG) y la información generada de 90 relevamientos realizados en la isla durante el verano de 2011.

Los mayores ICG, grado de endemismo y por ende los sitios más conservados se presentaron en bosques de *Dicksonia externa*, *Myrceugenia schulzei*, "pradera" de *Lophosoria quadripinnata*-*Anthoxanthum odoratum*, y cañones.

Financiamiento: Austrian Science Foundation (FWF, P21723-B16) e Instituto de Biología Vegetal y Biotecnología, Universidad de Talca.

371. TOLERANCIA A LA DESECACIÓN EN *DENDROLIGOTRICHUM DENDROIDES* DE DOS POBLACIONES CON PRECIPITACIÓN CONTRASTANTE (Desiccation tolerance in *Dendroligotrichum dendroides* from two populations with contrasting precipitation).

Alfaro J. F.¹ Parra M. J.², Atala C.¹

¹ Laboratorio de Anatomía y Ecología Funcional de plantas, Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, UdeC, Campus Los Ángeles.

² Departamento Botánica, UdeC.

Dendroligotrichum dendroides es una Polytrichaceae de hasta 60 cm de altura, con un sistema vascular organizado, abundante en el sotobosque del bosque templado. Muchas especies de musgos presentan tolerancia a la desecación. Este musgo, particularmente en verano, puede experimentar desecación temporal. En este trabajo se estudia la tolerancia a la desecación de *Dendroligotrichum dendroides* de dos poblaciones con diferencias en precipitación (Contulmo, Región de La Araucanía, y Pichiquillaípe, Región de Los Lagos). Se midió el fv/fm y el contenido relativo de agua (CRA) en el tiempo a medida que las plantas se desecaban. También se midió la respuesta a la rehidratación. *D. dendroides* presenta tolerancia a la desecación y es capaz de recuperar el fv/fm luego de rehidratarse. Existen diferencias, tanto en la recuperación del fv/fm como el CRA, entre las dos poblaciones. Los individuos de Contulmo llegaron a un fv/fm mayor que los individuos de Pichiquillaípe luego de la rehidratación. Estas diferencias pueden deberse a adaptación local de los individuos de Contulmo que, a diferencia de los de Pichiquillaípe, experimentan frecuentemente períodos de sequía en verano. Esta posible diferenciación ecotípica debe ser corroborada con más estudios.

Agradecimientos: OIRII UdeC Campus Los Ángeles.

372. RESPUESTA RESPIRATORIA BAJO DÉFICIT HÍDRICO GRADUAL EN DOS ESPECIES DE *NOTHOFAGUS* CON TOLERANCIA DIFERENCIAL A LA SEQUÍA (Respiration response under gradual water deficit in two *Nothofagus* species with differential drought tolerance).

Sanhueza, C.¹, Turnbull, M.² Corcuera, L. J.¹

¹ Laboratorio Fisiología Vegetal, Departamento de Botánica, Universidad de Concepción.

² School of Biological Sciences, University of Canterbury, New Zealand.

Para evaluar la respuesta respiratoria a variaciones de temperatura bajo déficit hídrico se trabajó con dos especies de *Nothofagus* de Nueva Zelanda con tolerancia diferencial a la sequía (*Nothofagus solandri* más tolerante que *Nothofagus menziesii*). Se midió respiración, fotosíntesis y potencial hídrico en campo (invierno y verano) e invernadero en individuos sometidos a sequía y recuperación. Para evaluar la respuesta a nivel de la cadena transportadora de electrones se utilizó la técnica de isótopos de oxígeno y análisis de proteínas. *N.menziesii* presentó mayor tasa respiratoria que *N.solandri*. E_o y Q_{10} constantes indicarían una rápida aclimatación de ambas especies a las variaciones estacionales en temperatura y disponibilidad hídrica. Posterior a un déficit hídrico severo *N.solandri* presentó mejor recuperación de su potencial hídrico y fotosíntesis. Aparentemente *N.solandri* es capaz de ajustar su respiración mediante mecanismos a largo plazo, mientras que en *N.menziesii*

una exposición prolongada a estrés hídrico severo redujo la ganancia de carbono. En ambas especies el flujo de electrones fue principalmente por la vía de la citocromo oxidasa. Este incremento no estuvo relacionado con la abundancia de proteínas mitocondriales indicando posible regulación postraduccional de ambas oxidasas.

(Mecesup UCO0708, Dirección investigación Udec).

373. VARIACIÓN DE LA RESPUESTA GERMINATIVA Y CRECIMIENTO INICIAL EN POBLACIONES CONTRASTANTES DE *DRIMYS WINTERII* (Variation in germinative response and initial growth of contrasting populations of *Drimys winterii*).

Smith-Ramírez C.¹, Bustos A.²; Alves, F.²; Zúñiga-Feest A.²

¹ Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

² Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Los bosques pantanosos o hualves son zonas de anegamiento estacional donde predominan especies como *Drimys winterii* (canelo) y mirtáceas. Con fines de restauración de hualves se determinó si el canelo presentaba diferencias en sus tasas de germinación a lo largo de su distribución. En otoño 2010 se colectaron frutos de poblaciones de hualves desde Salamanca a Llifén (IV y XIV Región, luego se estratificaron en frío (10°C) durante tres meses. Las semillas fueron sembradas in vitro, su germinación y el crecimiento de las plántulas fue monitoreado mensualmente. Las semillas de Salamanca germinaron primero (enero), tienen pulsos de germinación inicial mayor que poblaciones del sur (Antuco y Villarrica), las cuales aumentaron a más del doble desde mayo a junio. En tanto las poblaciones de Melipeuco, Los Boldos y Llifén tienen baja germinación. Sin embargo, las plántulas de Salamanca son más pequeñas que las de Villarrica y Antuco. El nivel de desarrollo de Salamanca, según el número de hojas expandidas, es similar para la mayoría de las procedencias. Concluimos que existen diferencias geográficas según procedencia, las cuales debieran ser consideradas en planes de restauración.

Agradecimientos FONDECYT 1100941.

374. EVALUACIÓN DE ASPECTOS FISIOLÓGICOS DURANTE EL PROCESO DE ENRAIZAMIENTO DE ESTACAS DE EUCALYPTUS NITENS Y EUCALYPTUS GLOBULUS (Evaluation of physiological aspects in the rooting of *eucalyptus nitens* and *eucalyptus globulus*).

Jofré, M. P., Ríos, D., Becerra, J.; Sánchez-Olate, M.
Lab. Cultivo de Tejidos Vegetales, Facultad de Ciencias Forestales y Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción.
majofre@udec.cl

Desde el punto de vista fisiológico y morfoanatómico muchos son los eventos que ocurren durante el proceso de enraizamiento adventicio. Para la caracterización de tales eventos se evaluaron estacas de las especies *Eucalyptus nitens* y *Eucalyptus globulus* las que fueron inducidas a enraizar con aplicación exógena de Acido Indol Butírico (IBA) 4000ppm. Se colectaron muestras los días 0,2,5,15 y 30 para análisis histológico y fitoquímico como contenido de Fenoles Totales, Flavonoides y hormona Acido indol Acético (AIA). En *Eucalyptus nitens* los fenoles totales presentaron altos niveles al inicio del enraizamiento, pero experimentan un descenso a partir del día 5 aumentando nuevamente los días 15 y 30; los valores son significativamente más altos que *Eucalyptus globulus* que no presenta diferencias en el contenido de fenoles durante todo el proceso. Por otro lado, los flavonoides difieren en su contenido al comparar las dos especies, observándose presencia de Rutina y Quercetrina solo en *Eucalyptus nitens*. El AIA durante los dos primeros días, presentó altos niveles que disminuyen drásticamente en la siguiente etapa del enraizamiento adventicio, lo que sugiere un rol fundamental durante la etapa de inducción del proceso. Agradecimientos a Conicyt e INNOVA BIOBIO, por financiamiento.

375. EL TAMAÑO DE PLANTA Y LA DISPONIBILIDAD LUMÍNICA INFLUYEN EN LA PINACIÓN DE GEVUINA AVELLANA MOL (Proteaceae) (Plant size and light availability affects pinnation in *Gevuina avellana* Mol. (Proteaceae)).

Ostria, E.^{1,5}, Coopman, R. E.², Sáez, K.³ & Corcuera, L. J.^{1,4}
¹ Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.
² Instituto de Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales y de Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile.
³ Departamento de Estadística, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Concepción.
⁴ Centro de Investigación Científica y Educación Ambiental Parque Katalapi.

Gevuina avellana Mol. (Proteaceae) es endémica del bosque templado chileno. Posee heteroblastia, evidenciada por el cambio de hojas simples en plantas jóvenes a hojas pinadas durante su desarrollo. El objetivo de este trabajo fue determinar la influencia del tamaño de planta y de la disponibilidad lumínica sobre el grado de pinación en *G. avellana*. Se postula que *G. avellana* aumenta su grado de pinación con el desarrollo y la disponibilidad lumínica. Un análisis de componentes principales entre las variables alométricas de plantas de hasta 1,5 m y ambiente lumínico indica que altura, diámetro del cuello y el ambiente lumínico explican el 82,5% de la variabilidad en el grado de pinación. Es decir, el grado de pinación depende del estado de desarrollo (59,5%) y del ambiente lumínico (23%).

⁵Becario CONICYT de Doctorado.
Agradecimiento: Proyecto PDA-24 CONICYT

376. AMBIENTE LUMÍNICO DE SITIOS DE RECLUTAMIENTO DE EUCRYPHIA CORDIFOLIA CAV. AL INTERIOR DE UN BOSQUE TEMPLADO LLUVIOSO SECUNDARIO (Light environment of *Eucryphia cordifolia* Cav. recruitment sites in a secondary rain temperate forest).

Escandón, A. B.¹, Coopman, R.² & Corcuera L. J.¹
¹ Laboratorio de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.
² Instituto de Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile.

Eucryphia cordifolia es endémica de Chile y Argentina. Es una especie sombra tolerante que se disemina eólicamente. Se encuentra bajo doseles cerrados y en sitios abiertos. El objetivo de este trabajo fue determinar la abundancia de plántulas provenientes de semillas de acuerdo al ambiente lumínico. Se postula que el reclutamiento es mayor a menor disponibilidad lumínica. Se censaron individuos de entre 2 a 150 cm en un bosque de crecimiento secundario (X Región). Utilizando fotografías hemisféricas y software Gap Light Analyzer se determinó el ambiente lumínico para los individuos. Los resultados mostraron que el reclutamiento ocurre principalmente en sitios de baja luminosidad, encontrándose que un 72% del universo ($n=214$) ocurre entre un rango de 2 a 8% de abertura de dosel (A.D.). La mayoría de los individuos (40,7%, $n=87$) se encontraron dentro del rango de 4 a 6% de A.D. La proporción promedio de luz difusa y directa que reciben las plantas en un gradiente lumínico natural ($n=77$) fue de 1,5 veces más, proporción que tiende a aumentar cuando incrementa la A.D. **Agradecimientos:** FONDECYT N°1110661 y a Parque Katalapi.

377. CARACTERIZACIÓN FISIOLÓGICA DE ESPECIES SILVESTRES DE TOMATE, S. PERUVIANUM Y S. CHILENSE COLECTADAS EN EL NORTE DE CHILE, SOMETIDAS A ESTRÉS HÍDRICO (physiological characterization of wild species of tomato, *S. peruvianum* and *S. chilense* collected in northern Chile, subjected to water stress).

Urtubia, I., Tapia G., Parra K.
Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, Cri Quilmapu.

La mayoría de las variedades comerciales de tomate son sensibles al estrés hídrico, sin embargo, especies silvestres poseen diferentes grados de tolerancia. Estudios preliminares han demostrado la existencia de variaciones entre genotipos, sugiriendo que a pesar de poseer todas tolerancia a estrés hídrico, los mecanismos inducidos varían. En este trabajo se consideraron las especies *S. peruvianum*, *S. chilense* y *S. lycopersicum*. Las plantas fueron obtenidas a través de multiplicación clonal y sometidas a una condición de estrés hídrico rápida alcanzando un RWC=50% bajo condiciones controladas de temperatura y fotoperiodo, comparada con plantas en condiciones óptimas de riego. Se determinaron niveles de azúcares (glucosa, sacarosa y fructosa) y almidón utilizando un método enzimático. Prolina, según metodología descrita por Wren & Wiggall (1965). Para permeabilidad cuticular se adaptó metodología descrita por D. K. Kosma et al. (2009) y conductancia estomática medida con porómetro delta-T, modelo AP4. Se encontraron diferencias y variabilidad en los resultados de los parámetros analizados entre e intraespecies. Esta información contribuirá a explicar y seleccionar genotipos que presenten una mejor respuesta frente a condiciones de estrés hídrico, lo que se traduciría en un mayor nivel de tolerancia y rendimiento. Proyecto Fontagro N°:FTG-8071/08.

378. EFECTO DEL AMBIENTE LUMÍNICO EN EL CRECIMIENTO Y FORMACIÓN DE RAÍCES PROTEOIDEAS EN PLÁNTULAS DE *EMBOTHRIMUM COCCINEUM* (PROTEACEAE) (Light availability effect on growth and CR formation of *E. coccineum* seedlings).

Bustos, A. y Zúñiga, A.

Laboratorio de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

La intensidad lumínica es uno de los factores que regulan el crecimiento y la arquitectura de las plantas. *E. coccineum* es una especie sombra intolerante, colonizadora, que en Chile crece entre los 35 a 56° S, en distintos suelos y regímenes hídricos. Presenta raíces proteoideas (RP) que mejoran su desempeño en suelos pobres. Se desconoce si poblaciones de distintos ambientes presentan diferente asignación de biomasa hacia RP. Se hizo un ensayo con plántulas de procedencias contrastantes (36°-42°), aplicando sombra (1% de luz incidente) o plena luz (control). Durante 3 meses se registró: altura, biomasa (aérea/raíz), número, biomasa de RP, tasa de fotosíntesis (A), conductancia estomática (gs), transpiración (E), para ambos tratamientos. Las plantas fueron mantenidas a capacidad de campo. En sombra las plantas presentaron menor crecimiento, número y proporción de RP, A, gs, E y WUE, comparado con el control para todas las procedencias. Se observó una variación latitudinal solo en el número de RP, disminuyendo de norte a sur. Las plántulas de Concepción y P. Montt presentan mayor crecimiento, pero la proporción de RP en el total de la planta es mayor para Loncoche y Valdivia. Coyhaique presentó el menor crecimiento, pero presentó una alta proporción de RP por planta.

Agradecimientos FONDECYT 11080162

379. TOLERANCIA A LA SEQUÍA EN PLÁNTULAS DE *EMBOTHRIMUM COCCINEUM*, DE PROCEDENCIAS CONTRASTANTES (Drought tolerant in *Embothrium coccineum* seedlings from contrasting origins).

Castro-Arévalo M., Zúñiga-Feest A.

Laboratorio de Fisiología Vegetal, Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Embothrium coccineum es una especie con una amplia distribución geográfica (35° a 56°), lo que la expone a una variedad de condiciones ambientales, entre ellas sequía. La sequía restringe el reclutamiento de especies en los bosques, además de cierre estomático y disminución de la fotosíntesis a nivel fisiológico. Existen predicciones de aumento de sequía en el centro sur del país basados en los efectos del calentamiento global. No se sabe el comportamiento que tendrían las especies leñosas y el reclutamiento bajo estas nuevas condiciones. Para ello se caracterizaron algunas respuestas fisiológicas, junto con determinar si las raíces proteoideas (RP) conferirían mayor tolerancia. Se planteó que las procedencias septentrionales presentarían mayor resistencia a sequía, comparado con las del sur, debido a la mayor presencia y/o exudación de ácidos orgánicos por las RP.

Se sometió a sequía, durante los meses de febrero y marzo a plántulas de *E. coccineum* provenientes de 9 sitios geográficos, abarcando todo su rango de distribución. Se evaluó: tasa de fotosíntesis, funcionalidad del aparato fotosintético, distribución de biomasa, cuantificación y exudación de raíces proteoideas, sobrevivencia y vitalidad de las plantas. Las procedencias septentrionales mostraron mayor tolerancia a la sequía, sin que se relacionaran con mayor exudación radicular y número de raíces proteoideas.

Fondecyt 11080162.

380. EVALUACIÓN DEL ESTABLECIMIENTO DE *EMBOTHRIMUM COCCINEUM* DE PROCEDENCIAS CONTRASTANTES CON FINES DE RESTAURACIÓN (Evaluation of the establishment of *Embothrium coccineum* from contrasting origins for restoration proposes).

Zúñiga-Feest, A.¹, Carrasco, D.^{1,2}, Bustos, A.¹, Thiers, O.²

Laboratorio de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias¹; Instituto de Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales², Universidad Austral de Chile.

Embothrium coccineum (Proteaceae), especie colonizadora, presenta una amplia distribución en Chile (35 y 56°) siendo capaz de establecerse en sitios pobres. *E. coccineum* presenta una adaptación a nivel radicular llamada raíces proteoideas (RP). Se propone que *E. coccineum* podría ser una especie nodriza y que sus RP se relacionarían con su capacidad de establecimiento. Se establecieron plantaciones, usando plántulas de un año, de procedencias contrastantes (39-45°S), en dos sitios de la Región de Los Ríos: Pichicolo (Pch; depresión intermedia) y San Pablo de Tregua (SPT; Andes). Se evaluó sobrevivencia, crecimiento (altura, biomasa) y desempeño fotoquímico. La sobrevivencia fue mayor en Pch (100%) comparado con SPT (49%). El crecimiento (altura, volumen y biomasa) presentó diferencias significativas a nivel de sitio (SPT o Pch) y entre procedencias, siendo mayor en Pichicolo. La sobrevivencia en la plantación de Pichicolo se correlacionó positivamente con la proporción RP/raíz total ($R^2=0.78$), al inicio de la plantación. Relaciones bivariadas mostraron un ajuste exponencial entre volumen de tallo y diámetro de cuello ($R^2=0.90$). La formación de nuevas RP no presentó diferencias significativas entre sitios de plantación, pero sí entre procedencias. Plántulas establecidas en Pch presentaron un mejor desempeño fotoquímico comparado con SPT.

Agradecimientos: FONDECYT 11080162.

381. EFECTO DE LA TEMPERATURA EN EL CRECIMIENTO Y DESEMPEÑO FOTOSINTÉTICO DE PLÁNTULAS DE *AEXTOXICON PUNCTATUM* Y *DRIMYS WINTERI* (Temperature effect on growth and photosynthetic performance of *Aextoxicon punctatum* and *Drimys winteri* seedlings).

Alves, F.; Alvarado, P; Bustos A; Zúñiga-Feest, A.

Laboratorio de Fisiología Vegetal, Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Debido al cambio climático, se ha pronosticado un aumento de las temperaturas en el sur de Chile. No se sabe el efecto que esta variación podría tener en la sobrevivencia y reclutamiento de especies de bosques templados. Se midió el crecimiento y la tasa fotosintética en plántulas *Aextoxicon punctatum* (olivillo) y *Drimys winteri* (canelo), especies sombratolerantes y de amplia distribución latitudinal. Las plántulas provienen de Llancahue (425 msnm; 39,5°S) y Antuco (1000 msnm; 37,2 °S), respectivamente y fueron mantenidas en cámaras de cultivo a temperaturas de 5°C y 20°C por dos meses. La fotosíntesis disminuyó significativamente a 5°C, solo en canelo. Sin embargo, el crecimiento relativo en biomasa fue mayor para ambas especies a 5°C, mostrando un 35 y 31% de incremento para olivillo y canelo, respectivamente. Lo contrario ocurrió con el crecimiento relativo en altura a 20°C para olivillo y canelo (73% y 36% de incremento) respectivamente. La expansión foliar disminuyó a 5°C para ambas especies. Solo canelo mostró un aumento significativo en la distribución de biomasa de hojas a 5°C. Futuros experimentos que evalúen la tasa de respiración y el balance de carbohidratos, podrían explicar dichas variaciones.

Fondecyt 1100941.

382. INTROGRESIONES DE LÍNEAS RECOMBINANTES DE CEBADA QUE OTORGAN TOLERANCIA A SEQUÍA SON IDENTIFICADOS MEDIANTE ANÁLISIS DE SNPS (Introgressed recombinant inbred lines of barley with drought tolerance are identified by SNPs analysis).

Quitral Y.¹, Matus I.² and del Pozo A.¹

¹ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca, Talca.

² Instituto de Investigaciones Agropecuarias CRI-Quilamapu, Chillán, Chile.

El estrés por sequía representa uno de los factores ambientales que afecta en mayor medida a los cultivos en todo el mundo. La obtención de cultivos tolerantes a estrés hídrico se ha intentado mediante la introgresión de caracteres de tolerancia sobre cultivares que poseen aptitud agronómica y alto rendimiento. La cebada (*Hordeum vulgare*) es un cereal que se cultiva en diversos ambientes, incluyendo climas tipo Mediterráneo, y se utiliza tanto para alimentación animal como producción de malta.

Se trabajó con 137 líneas recombinantes por sustitución cromosómica (RCSL), las que se obtuvieron a través de dos retrocruzamientos entre un padre silvestre (*Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum*) y un padre recurrente de calidad maltera (*H. vulgare* subsp. *vulgare* cv. 'Harrington') y luego seis generaciones de autopolinización. Las RCSLs fueron genotipificadas con 1536 SNPs a partir de ESTs (Expressed Sequenced Tags). Se identificaron 24 líneas recombinantes con introgresiones variables provenientes del padre silvestre por sobre el padre recurrente, las que presentaron características fisiológicas de tolerancia a estrés hídrico terminal en condiciones de campo e invernadero.

La determinación de genes que confieren tolerancia a estrés hídrico permitirá comprender procesos involucrados en conferir tolerancia asociados con un alto rendimiento de campo.

383. FOTOBLASTISMO NEGATIVO EN LA ESPECIE INVASORA *ESCHSCHOLZIA CALIFORNICA* CHAM.: UNA COMPARACIÓN REGIONAL Y LOCAL (Negative photoblastism in the invasive plant *Eschscholzia californica* Cham: regional and local comparisons).

Castillo, M. L., Bustamante, R. O., Acevedo, R. & Arredondo A.

Facultad de Ciencias, Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile.

El fotoblastismo negativo (FN) corresponde al efecto inhibitorio de la luz sobre la germinación de las semillas. Este atributo sería una adaptación para evitar la germinación en la superficie del suelo, donde existe escasez de agua, condicionando así el éxito invasivo de las plantas. El FN ha sido descrito para *Eschscholzia californica*, herbácea originaria de California e invasora en Chile. En experimentos de "jardín común" se comparó el FN entre poblaciones nativas e introducidas de *E. californica*, ubicadas en los extremos de su distribución altitudinal. En Chile, las semillas fueron colectadas en Algarrobo y Farellones, y en California, desde Punta Dume y Big Bear. Bajo condiciones ambientales controladas, se dispusieron semillas en placas de Petri bajo tratamientos de 24hrs/luz y 24hrs/oscuridad. Con los porcentajes finales de germinación obtenidos en ambos tratamientos, se elaboró un índice de Fotoblastismo (IF) que varió entre 1 (fotoblastismo negativo) y -1 (fotoblastismo positivo). El IF no varió entre regiones, pero se detectó una variación altitudinal dentro de California. Así, se concluye que el FN es un rasgo conservado, por otra parte, la variación altitudinal sugiere cierta flexibilidad frente a la variación ambiental al menos dentro del rango nativo.

Financiado por proyecto FONDECYT 1100076 e ICM – P05 – 002.

384. REDES MICORRÍZICAS COMUNES TRANSFIEREN AGUA EN EL SUELO (Common mycorrhizal networks transfer water in soils).

Alvarez, M.¹, Añazco, C.^{1,2}, Díaz, L. M.^{1,2}, Huygens, D.²

¹ Instituto de Ciencias de la Tierra y Evolución.

² Instituto de Ingeniería Agraria y Suelos, Universidad Austral de Chile, Valdivia. E-mail: malvarez@uni-bremen.de

A common mycorrhizal network (CMN) connects mycorrhizal fungi and plant roots that make up the ecosystem. Especially in dry soils, arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) have superior access to water sources than non-mycorrhizal plant roots and might therefore improve host plant water-use-efficiency. Since AMF are not host-specific, the existence of a CMN implies that AMF and plant roots may distribute water among a connected soil-fungal-plant system through passive transport. In a semi-sterile mesocosm study, we applied fluorescent water dyes to dry soils incubated with mycorrhizal and non-mycorrhizal grass roots (*Trifolium repens*, *Festuca arundinacea* and *Dactylis glomerata*). Mesocosm design separated fungal and mycorrhizal compartments. Using confocal laser scan microscopy, we demonstrated that plant water uptake took place at a greater extent in mycorrhizal roots compared to their non-mycorrhizal counterparts. It was observed that water transport, plant water uptake was significantly increased when more AMF were present in the CMN. These observations indicate that AMF play a major important role buffering pasture ecosystems to drought stress.

Acknowledgement: Fondecyt N°1090455 y DID-UACH S-2010-08.

385. RELACIÓN ENTRE CRECIMIENTO FUSTAL DE DOS ESPECIES ARBÓREAS Y DIVERSIDAD DEL ENSAMBLE DE ESPECIES ASOCIADAS EN UN BOSQUE TEMPLADO LLUVIOSO (Relationship between trunk growth of two tree species and species diversity of the associated assemblage in a temperate rainforest).

Carrasco-Urra F., Herrera-Seguel M. J., & A., Saldaña.

Departamento de Botánica, Universidad de Concepción.

fecarrasco@udec.cl

La relación entre la productividad primaria y diversidad ha sido descrita principalmente en bosques tropicales, pero poco se conoce en bosques templados. En un bosque siempreverde templado lluvioso, se evaluó la relación entre el crecimiento (como proxy de productividad primaria) de dos especies arbóreas (*Nothofagus dombeyi* y *Eucryphia cordifolia*) y la diversidad de su flora asociada a escala de parcela. Se cuantificó el crecimiento fustal durante 2 años mediante dendrómetros instalados en 21 individuos de ambas especies (*N.dombeyi* (N=10) y *E.cordifolia* (N=11)), y se determinó la composición y abundancia del ensamble asociado a cada árbol, en parcelas de 100 m² centradas en cada individuo. Las diferencias significativas en el crecimiento de las especies arbóreas reflejan la estrategia ecológica de estas: *N.dombeyi* (pionera) tiene mayor crecimiento que *E.cordifolia* (intermedia). En promedio *N.dombeyi* presenta menor diversidad de especies asociadas bajo su dosel que *E. cordifolia*. Mientras *E.cordifolia* crece más cuando está asociado a un ensamble más diverso, *N.dombeyi* crece menos. Estos patrones contrastantes pueden estar asociados a la diferencia en estrategia ecológica de estas especies arbóreas, y como esto influye en las interacciones y coexistencia con el ensamble asociado.

FONDECYT 11090133.

386. RELACIÓN ENTRE DENSIDAD DE MADERA Y CRECIMIENTO FUSTAL EN TRES ESPECIES DOMINANTES DEL BOSQUE VALDIVIANO DE DIFERENTE ESTRATEGIA ECOLÓGICA (Relationship between Wood density and trunk growth of three dominant species with different ecological strategy).

Flores, T. S. M. & A. Saldaña.

Depto. Botánica, Universidad de Concepción, Casilla 160-C, Concepción.

Tres especies dominantes de un bosque valdiviano maduro; (*Laureliopsis philippiana*, *Eucryphia cordifolia*, *Nothofagus dombeyi*) difieren en abundancia y estrategia ecológica (tardía, intermedia, pionera, respectivamente). La densidad de la madera (WD) posee importancia para la ecología de las leñosas, refleja la asignación de carbono a soporte, y determina la conducción hidráulica potencial en relación con la ganancia de carbono. Se ha descrito un compromiso entre crecimiento y WD, y también diferencias en tasas de crecimiento asociada a la estrategia ecológica. Evaluamos si existen diferencias interespecíficas en crecimiento y WD asociadas a las estrategias ecológicas presentadas por las especies, y si en todas existe el compromiso crecimiento-WD, siendo diferentes entre las especies. *N.dombeyi* presenta un crecimiento significativamente mayor que *L.philippiana*, y no difiere de *E.cordifolia*. WD fue significativamente mayor en *E.cordifolia*, mientras que *N.dombeyi* y *L.philippiana* no difieren. Ninguna especie muestra un compromiso entre crecimiento y WD, aunque si hubo una tendencia en *E.cordifolia* y *L.philippiana*, y por ende tampoco hay diferencias interespecíficas en la magnitud de dicho compromiso. Las diferencias en tasas de crecimiento son concomitantes con la estrategia ecológica de las especies, sin embargo WD no refleja dicho patrón. La evaluación de rasgos anatómicos asociados a WD podría explicar dicho patrón.

FONDECYT 11090133.

387. DISMINUCIÓN DE LA DIVERSIDAD VEGETAL A ESCALA DE MICROSITIO EN UN ÁREA PROTEGIDA DEL SUR DE CHILE INVADIDA POR *PINUS CONTORTA* (Plant diversity decrease at the microsite scale in a protected area of south Chile invaded by *Pinus contorta*).

Urrutia, J.^{1,3}, Pauchard, A.^{2,3} & Soto, Y.¹

¹ Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

² Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción.

³ Instituto de Ecología y Biodiversidad, Santiago, Chile.

Varias especies de pinos han sido reconocidas como altamente invasoras, causando un amplio rango de cambios en los ecosistemas invadidos. Se evaluaron los impactos generados por la invasión de *Pinus contorta*, sobre la diversidad de plantas vasculares a escala de micrositio, en la Reserva Nacional Malalcahuello, región de La Araucanía. Se trabajó en base a parcelas cuadradas pareadas, ubicando una bajo el dosel de los pinos y otra en un sector adyacente a 2 m de distancia. Se definieron tres categorías basadas en la altura de los árboles (1-3 m; 4-6 m y 7-9 m), eligiendo para cada una 15 individuos. La riqueza y abundancia de especies bajo los pinos disminuye al aumentar su altura. Del mismo modo, las regresiones muestran que a medida que aumenta el área de copa de los pinos, disminuye la riqueza ($R^2 = 0,39$; $p < 0,01$) y la abundancia ($R^2 =$

0,48; $p < 0,004$) de plantas, lo que se hace más notorio en los pinos de la categoría 7-9 m.

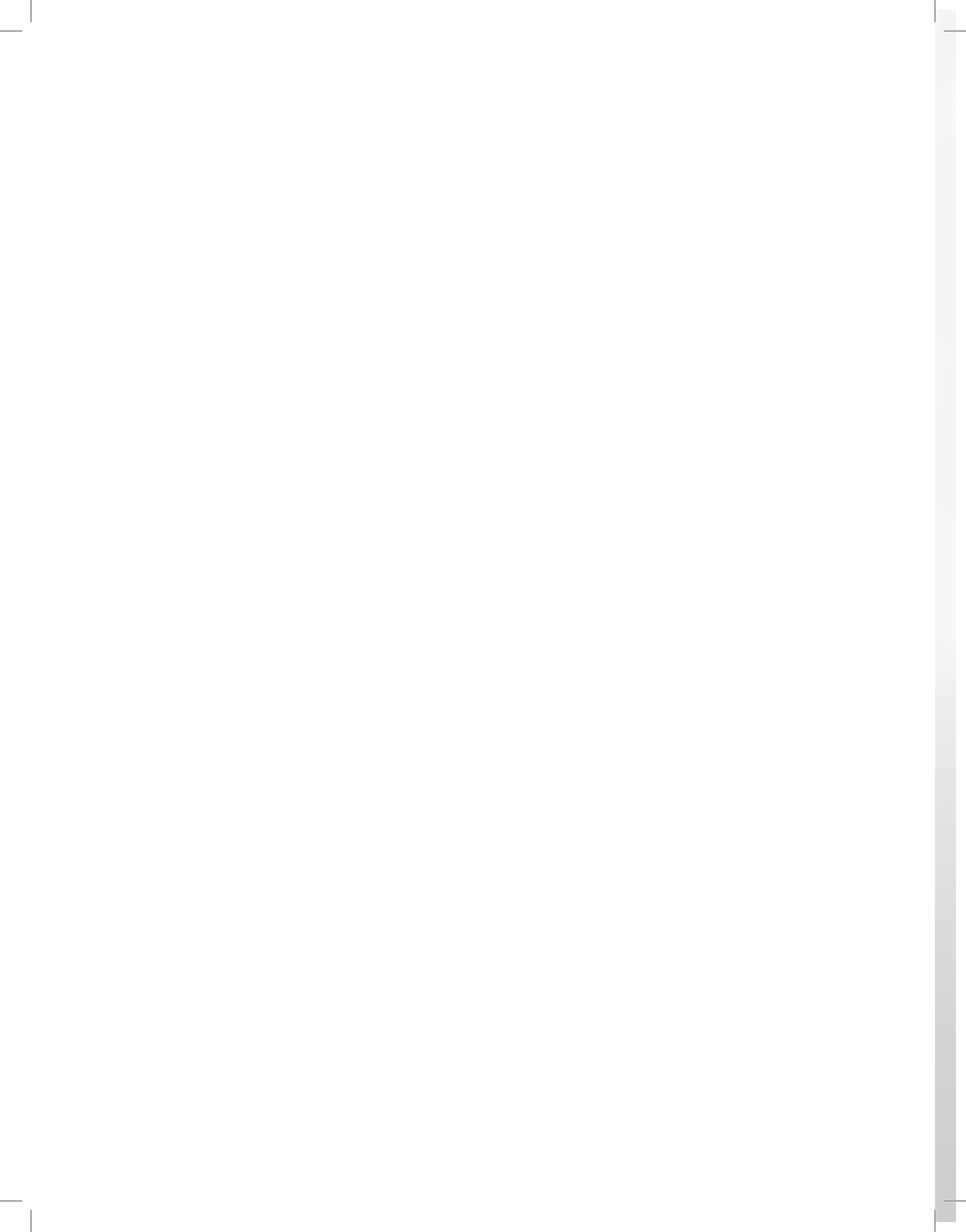
Agradecimientos: Fondecyt 1100792, ICM P05-002, PFB-23 y Beca Conicyt Magister Nacional.

388. CATEGORIZACIÓN TAXONÓMICA EN BASE A MARCADORES MOLECULARES DE MICROALGAS EXTREMÓFILAS NATIVAS DEL NORTE DE CHILE (Taxonomic characterization based on molecular markers for native extremophiles microalgae from Northern Chile).

Yáñez, R. P.¹, Torres-Pérez, F.², Henríquez, V.¹

Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular¹, Instituto de Biología², Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Las microalgas extremófilas son de gran interés para la industria de los biocombustibles debido a sus excepcionales propiedades biológicas. Algunas de sus principales características son su alta tasa de crecimiento y tolerancia a cambios ambientales como salinidad o pH. Dado el alto número de grupos taxonómicos potencialmente útiles para ser usados como biocombustibles, existe la necesidad de identificar microalgas extremófilas nativas desde aislados naturales. A partir de aislados naturales colectados desde la costa de Arica en el Norte de Chile, y usando filogenias moleculares, se evaluó la utilidad de los marcadores moleculares 18S rDNA, *rbcL* e ITS para caracterizar taxonómicamente dichos aislados. Los análisis filogenéticos y de identidad nucleotídica revelaron grados variables de resolución en la identificación taxonómica de las microalgas en estudio. Los resultados fueron además comparados con aquellos reportados por análisis morfológicos. Los marcadores moleculares fueron útiles para categorizar taxonómicamente 13 aislados naturales de microalgas, divididos en siete diferentes taxa. El marcador 18S ADN_r fue el que mostró mejor resolución para la identificación de las distintas microalgas. La gran importancia biotecnológica que poseen las microalgas categorizadas en este estudio, sustentan su potencial uso en la industria bioenergética.



Índice de Autores

BR



-A-

Acevedo, R. & Arredondo, A.	R-184
Aguilera-Betti, I.	R-163
Álamos, S.	R-157
Albornoz, F.	R-157, R-162
Alcorta, M.	R-176
Alfaro, J. F.	R-181
Altamirano, A.	R-159
Alvarado, P.	R-183
Alvarez, E.	R-165
Alvarez, M.	R-184
Alves, F.	R-181, R-183
Añazco, C.	R-184
Araya, I.	R-177
Arias, M. B.	R-154
Arim, M.	R-160, R-161
Armesto, J.	R-152, R-162
Armesto, J. J.	R-149, R-172
Arroyo, J. I.	R-178
Atala, C.	R-162, R-181

-B-

Bacigalupo, A.	R-153, R-167, R-168
Baeza, M.	R-180
Barceló, M.	R-153
Barindelli, E.	R-176
Barrientos, H.	R-175
Barros, D.	R-175
Becerra, J.	R-182
Berbel, A.	R-176
Berkowitz, L.	R-179
Boric-Bargetto, D.	R-147
Bórquez, J.	R-173
Botto-Mahan, C.	R-153, R-160, R-165, R-167, R-168, R-171
Bozinovic, F.	R-153
Briceño, N.	R-177
Bruning, A.	R-166
Bustamante, R.	R-160
Bustamante, R. O.	R-159, R-184
Bustos, A.	R-181, R-183

-C-

Calderón-Pérez, P.	R-149
Callejas, S.	R-155
Campos, R.	R-168, R-171
Cancino, R. A.	R-170
Candia, A.	R-159
Canessa, R.	R-152
Cañete, J. I.	R-170
Cares-Suárez, R.	R-159
Cares, R. A.	R-160, R-165
Carrasco-Urra, F.	R-184
Carrasco, D.	R-183
Carvalho, G. O.	R-146
Castillo, M. L.	R-184
Castro-Arévalo, M.	R-183
Castro, S.	R-146

Catalán, T.	R-153
Catrileo, C.	R-179
Cavieres, G.	R-151
Cavieres, L. A.	R-152, R-160
Charrier, A.	R-149
Chenuil, A.	R-146
Cianferoni, F.	R-169
Collado, G.	R-150
Collados, L.	R-178
Contreras-Porcía, L.	R-155, R-176
Contreras, A.	R-155
Contreras, C.	R-151
Coopman, R.	R-182
Coopman, R. E.	R-182
Corcuera, L. J.	R-177, R-181, R-182
Coronado, X.	R-171
Correa, C.	R-172
Correa, J. A.	R-155, R-176
Correa, J. P.	R-153, R-167, R-168
Correa, L. A.	R-164
Cortés, A.	R-156
Cursach, J. A.	R-158

-D-

D'Elía, G.	R-172
David, B.	R-146
Del Pozo, A.	R-184
Delgado, N.	R-177
Díaz, A.	R-146, R-148
Díaz, F.	R-158
Díaz, L.	R-177
Díaz, L. M.	R-184
Díaz, M.	R-179
Donoso, M. I.	R-165
Dougnac, C.	R-168
Dunstone, N.	R-147

-E-

Ebensperger, L. A.	R-150, R-164
Echeverría, C.	R-161
Escandón, A. B.	R-182
Espinoza, G.	R-180
Esterio, G.	R-159

-F-

Faugeron, S.	R-149
Féral, J-P.	R-146
Fernández-González, M.	R-157, R-158
Fibla, P.	R-167
Figuroa, J. A.	R-146
Flores-Molina, M. R.	R-155
Flores, J.	R-161
Flores, J. D.	R-160
Flores, T. S. M.	R-185
Flores, V.	R-155
Fontúrbel, F.	R-156, R-163
Franco, L. M.	R-151

Fredes, C.	R-179
Fredes, F.	R-168
Freer, R.	R-147
Frugone, M. J.	R-150
Fuentes, J.	R-165

-G-

Gaitán-Espitia, J. D.	R-166
Gálvez, F. E.	R-145
Garay-Narváez, L.	R-160, R-161
García, C.	R-160
García, M. B.	R-160
Gatica, A.	R-180
Gaxiola, A.	R-162
George-Nascimento, M.	R-150
Gerard, K.	R-148
Godoy-Herrera, R.	R-165
González-Acuña, D.	R-168
González-Barrientos, J.	R-157, R-158
González-Browne, C.	R-159
González-Gómez, P. L.	R-154
González-Méndez, A.	R-166
González-Wevar, C. A.	R-170
González, A. V.	R-157
González, J.	R-170
González, K.	R-165
González, M. E.	R-161, R-162
Goodall, R. N. P.	R-168
Gouin, N.	R-172, R-173
Gratacós, E.	R-173, R-176
Greimler, J.	R-180
Guajardo, E.	R-155
Guerra, J. F.	R-148
Guerrero, C. J.	R-170
Gutiérrez, V. L.	R-154
Guzmán, A.	R-173, R-176

-H-

Haye, P.	R-145
Haye, P. A.	R-145, R-148
Hayes, L. D.	R-164
Heine-Fuster, I.	R-157, R-158
Henríquez, B.	R-154
Henríquez, C. A.	R-160
Henríquez, V.	R-185
Hernández, C. E.	R-147
Herrera-Seguel, M. J.	R-184
Hinojosa, F.	R-157
Hinrichsen, P.	R-149
Hoelzel, A. R.	R-147
Huygens, D.	R-184

-I-

Iannuzzi, S.	R-177
Iezzoni, A. F.	R-173

-J-

Jara, D.	R-175
Jara, F.	R-178
Jerez, V.	R-147
Jiménez-Castillo, M.	R-163
Jiménez, J.	R-156
Jofré, M. P.	R-182
Johnson, W. E.	R-147

-K-

Kalergis, A.	R-153
Kettlun, A. M.	R-178
Klagges, C.	R-173, R-176
Kube, M.	R-155

-L-

Lafuente, A.	R-155
Lagos, N.	R-154
Lara, A.	R-161
Lardies, M. A.	R-154
Leiva, A.	R-157
León, C.	R-169
Lobos-Catalán, P.	R-163
López-Morgado, N.	R-156
López, C.	R-155
López, P.	R-180
Lovazzano, C.	R-176

-M-

M. A. Méndez, M. A.	R-171, R-172
Madueño, F.	R-176
Mahn, A.	R-175
Maldonado, E.	R-174
Maldonado, H.	R-177
Maldonado, K.	R-156
Manquilef, J. P.	R-150, R-164
Manríquez, P.	R-154
Manríquez, V.	R-165
Mansur, L.	R-176
Mansur, L. E.	R-149
Manzano, M.	R-149
Manzur, L.	R-173
Marcellini, S.	R-178
Mardones, C.	R-175
Marín, V. H.	R-163
Martínez, A.	R-148
Maturana, C.	R-148
Matus, I.	R-184
Medel, R.	R-157, R-159, R-160
Medina, N.	R-161
Meisel, L.	R-173, R-176, R-177
Melo, F.	R-179
Méndez, M.	R-147, R-150, R-171, R-178
Méndez, M. A.	R-167, R-172
Millaguín, C.	R-158
Miranda, A.	R-159
Moenne, A.	R-175

Montenegro, G.....	R-179
Moraga, R.....	R-145
Moreira-Ramos, S.....	R-174
Moreno, L.....	R-168
Mosqueira, M.....	R-179
Muñoz, A.....	R-175
Muñoz-de Toledo, T.....	R-149
Muñoz, C.....	R-172
Muñoz, H.....	R-165
Muñoz, N.....	R-145
Muñoz, P.....	R-148
Murúa, M.....	R-157, R-159

-N-

Nahuelhual, L.....	R-161
Napolitano, C.....	R-147
Narváez, C.....	R-155
Negrete, P.....	R-151
Neill, P. E.....	R-150, R-164
Nespolo, R.....	R-166
Nespolo, R. F.....	R-151, R-166
Niemeyer, H.....	R-153
Novoa, P.....	R-162, R-180
Núñez-Villegas, M.....	R-151

-O-

O'Brien, S. J.....	R-147
Oda, E.....	R-153, R-165, R-167, R-168
Ojeda, F. Patricio.....	R-149
Olavarría, C.....	R-145
Opazo, J. C.....	R-178
Orrego, F.....	R-152
Ortega-Jiménez, S.....	R-161
Ortiz, C.....	R-175, R-180
Osorio, F.....	R-163
Ossa, G.....	R-157
Ossa, P. G.....	R-152, R-172
Ostria, E.....	R-182
Otárola, G.....	R-178

-P-

Palma, A. T.....	R-148
Palma, R. E.....	R-147, R-148, R-169, R-170, R-172
Pando, M. E.....	R-178
Pantoja Peña, G. E.....	R-166
Pardo-Gandarillas, M. C.....	R-171
Parra, M. J.....	R-181
Parra, C.....	R-176
Parra, K.....	R-182
Pastenes, L.....	R-167, R-172, R-178
Pauchard, A.....	R-185
Peña, F.....	R-170
Peñailillo, P.....	R-180
Peñaloza, E.....	R-177
Pereira, G.....	R-162
Pérez-Alvarez, M. J.....	R-145
Pérez, F.....	R-157, R-169

Pérez, M. F.....	R-46, R-95, R-116, R-127, R-152, R-172
Perona, F.....	R-151
Pincheira, F.....	R-159
Pohnert, G.....	R-155
Poulin, E.....	R-145, R-146, R-147, R-148, R-170, R-171
Poupin, M. J.....	R-154
Puebla, M.....	R-168

-Q-

Quillfeldt, P.....	R-151
Quiroz, E.....	R-180
Quitral, Y.....	R-184

-R-

Ramírez, P. A.....	R-153, R-165, R-167
Ramos-Jiliberto, R.....	R-157, R-158, R-160, R-161
Rau, J. R.....	R-158
Reinhardt, R.....	R-155
Reyes, A.....	R-175
Reyes, C. A.....	R-158
Reyes, J.....	R-177
Ríos, D.....	R-182
Ritland, K.....	R-147
Rivera, M.....	R-177
Rodríguez, J.....	R-161
Rojas, D. A.....	R-174
Romero-Mieres, M.....	R-162
Rosyara, U. R.....	R-173
Rubio, M.....	R-180
Ruiz, E.....	R-180

-S-

Saavedra, C.....	R-154
Sabat, P.....	R-151, R-154, R-155
Sáez, K.....	R-182
Saldaña, A.....	R-184, R-185
Salgado, B.....	R-152
Salinas, H.....	R-150
Salinas, P.....	R-159
Sallaberry, M.....	R-151, R-167
San Martín, C.....	R-180
Sánchez-Olate, M.....	R-182
Sanderson, J.....	R-147
Sanfuentes, C.....	R-152
Sanhueza, C.....	R-181
Santander, F.....	R-179
Saucède, T.....	R-146
Seaman, B.....	R-162
Sebolt, A.....	R-173
Segovia, N. I.....	R-148
Sepúlveda, J.....	R-162
Sierra-Almeida, A.....	R-152
Silva, H.....	R-173, R-176, R-177
Sites, J.....	R-172
Smith-Ramírez, C.....	R-181
Solari, A.....	R-153, R-167, R-168, R-171
Solís, J. L.....	R-180

Sordet, C.....	R-155	Vargas, R. R.....	R-156
Sotes, G.....	R-160	Vásquez, R. A.	R-153
Soto-Gamboa, M.....	R-150, R-151, R-164	Vásquez, C.	R-178
Soto, R.	R-164	Vásquez, D.....	R-172
Soto, Y.....	R-185	Vásquez, R. A.	R-154
Squeo, F. A.	R-156	Veas, P.....	R-150
Stuessy, T.....	R-180	Véliz, D.....	R-148
Swanek, G. E.	R-164	Veloso, C.....	R-154
-T-			
Tapia, G.	R-176, R-182	Venegas, A.....	R-179
Teillier, S.....	R-146	Venegas, C.....	R-153
Tellier, F.	R-155	Vera, A.....	R-171
Thienel, M.	R-154	Victoriano, P.....	R-172
Thiers, O.....	R-183	Vila, I.	R-170
Thomas, D.....	R-155	Villanueva Rivas, M. A.	R-166
Tironi, A.	R-163	Villaseñor, C. A.	R-164
Tobar, C. N.	R-158	Vivanco, M. F.	R-150
Torres-Morales, P.....	R-163	Vizoso, P.....	R-177
Torres-Pérez, F.	R-169, R-171, R-185	-W-	
Torres, R.	R-154	Wingfield, J. C.....	R-153, R-154
Turnbull, M.....	R-181	-Y-	
-U-			
Urbani, P.....	R-160	Yamashiro, C.....	R-171
Urrutia, J.	R-185	Yáñez, A.....	R-168
Urtubia, I.....	R-176, R-182	Yáñez, R. P.....	R-169, R-185
-V-			
Valenzuela, M. A.	R-177, R-178	-Z-	
Valladares, M.	R-167	Zamora-Manzur, C.....	R-174
Varas, B.....	R-149	Zamorano, D.....	R-159
Vargas, R.	R-156	Zúñiga-Feest, A.	R-181, R-183
		Zúñiga-Reinoso, A.	R-147
		Zuñiga, A.	R-179, R-183