

# COMUNICACIONES *Orales*





## FISIOLOGÍA I

**EFFECTO DE LA GLUCOSA Y LA OXLDL SOBRE LA LIBERACIÓN DE CITOQUINAS PROINFLAMATORIAS EN CÉLULAS MONONUCLEARES AISLADAS DE PACIENTES DIABÉTICOS TIPO II (Effect of the glucose and oxLDL on the liberation of proinflammatory cytokines in isolated mononuclear cells of type II diabetic patients).**

**Bustamante, M.<sup>1</sup>, Díaz, F.<sup>1</sup>, Muñoz, M.<sup>1</sup>, Llancaqueo, Á.<sup>1</sup>, Núñez, L.<sup>1</sup>, Campos, L.<sup>1</sup>, Véjar, L.<sup>1</sup>, Grandón, J.<sup>1</sup>, Rivas, C.<sup>2</sup>, Barra, V.<sup>2</sup>, Vera, J.C.<sup>2</sup>, Gross, H.<sup>3</sup>, Jürgen y Bachem, M.<sup>3</sup>**

<sup>1</sup> Laboratorio de Diagnóstico Molecular, Facultad de Medicina, Universidad Católica de la Santísima Concepción. <sup>2</sup> Departamento de Fisiopatología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. <sup>3</sup> Departamento de Química Clínica, Facultad de Medicina, Universidad de Ulm, Alemania.

La diabetes mellitus tipo 2 es un factor de riesgo independiente en el desarrollo de la aterosclerosis, cuyas manifestaciones clínicas (cardiopatía coronaria, accidente vascular cerebral y enfermedad oclusiva arterial periférica) constituyen la primera causa de morbilidad y mortalidad en el mundo occidental. El proceso fisiopatológico de la asociación de diabetes con aterosclerosis aún no se conoce del todo, pero se considera que en la génesis del proceso ateromatoso del paciente diabético estarían involucrados múltiples factores, entre los cuales podrían estar la modificación oxidativa de las lipoproteínas de baja densidad (LDL) y las altas concentraciones de glucosa circulante que se encuentran en la sangre de estos pacientes.

Utilizando citometría de flujo, sistema Bioplex y ELISA hemos cuantificado la liberación de citoquinas en respuesta al efecto de varias concentraciones de glucosa sobre células mononucleares de sujetos normales y de pacientes diabéticos sometidas a estrés oxidativo representado por lipoproteínas oxidadas. Los resultados indican que las lipoproteínas oxidadas inducen la liberación de citoquinas inflamatorias en linfocitos y en monocitos, tanto de sujetos controles como de pacientes diabéticos, este efecto se ve aumentado significativamente cuando las células se cultivan en presencia de altas concentraciones de glucosa. La liberación de citoquinas inflamatorias por parte de las células de pacientes diabéticos es significativamente mayor que lo observado en las células obtenidas de sujetos controles.

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

Financiado por Proyecto FONDECYT 1040977.

**EXPRESIÓN ESTABLE DE ISOFORMAS PARA EL RECEPTOR DE DIHIDROPIRIDINAS EN CÉLULAS MUSCULARES DE LA LÍNEA MDG (Stable expression of the DHP isoforms in mdg muscle cells line).**

**Hidalgo, J.<sup>1, 2</sup>, Eltit, J.M.<sup>1, 2</sup>, Bournaud, R.<sup>3</sup>, Bustamante, M.<sup>2</sup> y Jaimovich, E.<sup>1, 2</sup>**

<sup>1</sup> ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. <sup>2</sup> Centro FONDAPE Estudios Moleculares de la Célula, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. <sup>3</sup> Laboratoire de Neurobiologie Cellulaire et Moléculaire, CNRS UPR 9040, Gif sur Yvette, Francia.

En músculo esquelético, la interacción del receptor de dihidropiridinas (rDHP) con vías transduccionales distintas a la de acoplamiento excitación contracción es una forma de obtener modulación de los niveles de calcio intracelular mediante otros receptores como aquellos para inositol trifosfato por ejemplo. La especificidad de esta interacción se puede explorar al ser posible establecer líneas celulares a partir de células musculares provenientes de la cepa de ratones mdg en los cuales el rDHP está ausente. En estas células se ha transfectado la forma cardíaca del rDHP con un vector viral obteniéndose una expresión estable del genotipo utilizado. Como primer paso de una caracterización sistemática de estas líneas a nivel funcional, se llevaron a cabo mediciones de las corrientes macroscópicas y de movimiento de carga en condiciones de potencial controlado. Respecto a células control no transfectadas, el total de carga aumenta cerca de un 50%, una fracción de la cual es sensible a nitrendipina. Además, se mantienen los parámetros de sensibilidad a potencial modelados a una distribución de Boltzmann.

FONDAPE 15010006, ECOS-Conicyt C99B03.

### **REDUCCIÓN DE VASOMOCIÓN EN AORTA INTACTA DE RATAS HEMBRAS DURANTE MADURACIÓN (Vasomotion is decreased at maturation in female rat intact aorta).**

**Palacios, J.<sup>1</sup>, Bravo, J.<sup>2</sup>, Muñoz C.<sup>1</sup> y Cifuentes, F.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> Departamento de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad Católica del Norte. <sup>2</sup> Laboratorio de Fisiología Experimental, Universidad de Antofagasta.

La contracción rítmica de los vasos sanguíneos es conocida como vasomoción. El propósito de este trabajo fue determinar si el fenómeno de vasomoción está presente en ratas maduras, y si está asociado con los cambios del endotelio y del músculo liso durante el proceso normal de maduración. El proceso de vasomoción fue estudiado en anillos de aorta torácica de ratas hembras de 1, 2 y 5 meses de edad en presencia de sustancias vasoactivas.

Anillos de aorta torácica de rata de un mes en presencia de fenilefrina (PE) o KCl presentan respuesta vasomotora de manera dosis-dependiente, disminuyendo a los 2 meses y desapareciendo a los 5. La amplitud de las oscilaciones rítmicas de anillos de un mes, preincubadas con L-NNA (100 micro molar) u ouabaína (1 mili molar), disminuyeron significativamente. La reducida respuesta vasomotora con L-NNA fue restablecida con nitroprusiato de sodio (10 nM). La sensibilidad (EC<sub>50</sub>) a acetilcolina (ACh) disminuyó significativamente con la edad. La relajación dependiente de ACh fue incompleta en ratas de 5 meses. Nuestros resultados indican que la vasomoción inducida por agonistas en aorta de ratas hembras está alterada en la maduración principalmente por una disfunción del endotelio vascular.

DI-1339-07 UNIVERSIDAD DE ANTOFAGASTA; DGIP-220203-10301206 UNIVERSIDAD CATOLICA DEL NORTE.

### **EXPRESIÓN GÉNICA EN LÍNEAS CELULARES DE MÚSCULO ESQUELÉTICO NORMAL Y DISTRÓFICO ESTIMULADAS ELÉCTRICAMENTE (Gene expression in electrically stimulated normal and dystrophic muscle cell lines).**

**Juretic, N., Urzúa, U., Jaimovich, E. y Riveros, N.**

ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Centro de Estudios Moleculares de la Célula.

La distrofia muscular de Duchenne es producida por un defecto en el gen que codifica para distrofina, el que se manifiesta en pérdida de la capacidad regenerativa de la fibra muscular sometida a ejercicio intenso. En este estudio se compara el patrón de expresión génica de células musculares humanas normales (RCHM) y distróficas (RCDMD) en condiciones de reposo y despolarización, para establecer posibles cambios en la expresión de proteínas relacionadas con la respuesta adaptativa del músculo al ejercicio.

Mediante el uso de microarrays de oligonucleótidos (22K-humanos) se analizó RNA total de miotubos RCHM (n=5) y RCDMD (n=4), obtenido 4h postestímulo (400 pulsos, 1ms, 45Hz). Este análisis permitió determinar cambios en la expresión de 132 genes en células RCHM y 150 en células RCDMD, 44 de ellos se expresan diferencialmente en ambos tipos celulares (ANOVA y t-Test, p<0.01). Los principales cambios corresponden a genes involucrados en vías de regulación del citoesqueleto de actina y señalización Wnt en RCHM y citotoxicidad mediada por natural killer y MAPK en RCDMD.

Hemos iniciado el estudio de la expresión del gen de Neuregulina-1, un factor de crecimiento que potencia la miogénesis e induce el transporte de glucosa en células musculares, marcadamente estimulada por el estímulo despolarizante.

FONDAP-15010006. Proyecto Bicentenario-PSD24.

### **TRÍOXIDO DE ARSÉNICO AUMENTA LA ACTIVIDAD DEL INTERCAMBIADOR NA<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> Y LA PROLIFERACIÓN EN CÉLULAS MDCK (Trioxide arsenic increases Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> exchanger activity and proliferation in MDCK cells).**

**Aravena, C.<sup>1</sup>, Beltrán, A.R.G.<sup>1</sup>, Chávez, P.<sup>2</sup>, Sobrevia, L.<sup>3</sup> y Ramírez, M.A.<sup>1,2</sup>**

<sup>1</sup> Laboratorio de Fisiología Celular, Departamento Biomédico, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta. <sup>2</sup> Centro de Biotecnología, Universidad de Antofagasta. <sup>3</sup> Laboratorio de Fisiología Celular y Molecular (CMPL), Departamento de Obstetricia y Ginecología, CIM, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile.

El trióxido de arsénico (As(III)) es carcinogénico a concentraciones nanomolares. La actividad de la isoforma 1 del intercambiador Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> (NHE1) es fundamental para la regulación del pH intracelular (pHi) y la proliferación celular. Se desconoce el efecto que As(III) tiene sobre NHE1. Determinamos el efecto de As(III) sobre la actividad de NHE1 y la proliferación de células MDCK. Al incubar MDCK (3, 6 y 12 hrs) con As(III) (50-500 nM) se observó un aumento en la actividad de NHE1 sin cambios en el pHi basal versus su valor control. Mayores tiempos de incubación (48 hrs) aumentaron tanto la actividad de NHE1 y el valor de pHi basal. En las mismas condiciones se evaluó proliferación celular a través de la incorporación de timidina-<sup>3</sup>H y la técnica CVDE, observándose un aumento en la proliferación celular el cual fue menor al bloquear NHE1 con hexametilenoamilorida (0.1 mM). En conclusión, As(III) aumenta la actividad de NHE1 resultando en aumento en la proliferación celular.

Dirección de Investigación y Facultad de Salud, Universidad de Antofagasta. FONDECYT-1070865, VRAID-BM16/2007-PUC.

## REGULACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE PAI-1 POR QUERCETINA ES VÍA USF-2 (Regulation of PAI-1 expression by Quercetin Involves the Upstream Stimulatory Factor-2).

Grenett, H.E. y Olave, N.C.

Department of Medicine, University of Alabama at Birmingham, USA.

Células endoteliales (ECs) sintetizan PAI-1 (Plasminogen Activador Inhibitor-1) asociado positivamente con enfermedades cardiovasculares. Hemos demostrado que el polifenol, quercetina, suprime la expresión de PAI-1 en ECs. **Hipótesis:** Quercetina reprime la expresión de PAI-1 activando el factor de transcripción USF-2. **Métodos:** La actividad del promotor de PAI-1 fue ensayada en ECs con diferentes constructos y con un fragmento de 251-bp (p251/Luc) del promotor del gene del PAI-1 en presencia/ ausencia de quercetina. La interacción de USF-2 por quercetina al promotor de PAI-1 se realizó por ensayos de Movilidad electroforética (EMSA) con extractos nucleares de ECs. El efecto de quercetina y USF-2 en la expresión de PAI-1 fue determinado por Western blot. **Resultados:** Los constructos con delección identificaron un fragmento de 251-pb del promotor localizado entre las posiciones -800 y -549 del gen de PAI-1 que mediaría el efecto represor en la expresión de PAI-1 por quercetina. Este fragmento contiene dos motivos E-Box que son reconocidos por factores de transcripción de la familia de USF, MAX, Myc, y MAD. ECs co-transfectadas con p251/Luc y pUSF-2/pcDNA mostraron una reducción de actividad luciferasa versus vector solo. EMSA con E-Box1-P<sup>32</sup> o E-Box2-P<sup>32</sup> incrementan la unión DNA/proteína. EMSA supershift con anticuerpos contra USF-2 confirmaron la presencia de USF-2. **Conclusión:** Quercetina induce la interacción USF-2 a los E-Boxes reprimiendo la expresión de PAI-1.

Agradecimientos: NIH-USA.

## TRANSPORTADORES DE GLUCOSA Y MONOCARBOXILATOS EN EL CEREBRO DE TIBURÓN. UNA VISIÓN COMPARADA DE LA HIPÓTESIS DE ACOPLAMIENTO METABÓLICO (Glucose and monocarboxylate transporters in shark brain. A comparative vision about metabolic coupling hypothesis).

Balmaceda-Aguilera, C., Cortés, C. y Nualart, F.

Proyecto Anillo de Investigación para el Estudio del Sistema Nervioso, Biología Celular y Aplicaciones Biomédicas. Departamento de Biología Celular, Universidad de Concepción.

El cerebro de tiburones se caracteriza por la presencia de glia radial, el desplazamiento de la barrera hematoencefálica a la región pericapilar y un gran desarrollo de los plexos coroideos. Estas adaptaciones podrían favorecer el acoplamiento glia-neurona, sin embargo, en elasmobranchios no se han estudiado las moléculas claves involucradas en este proceso. En este trabajo hemos caracterizado la expresión, localización y obtenido una secuencia parcial del transportador de glucosa

GLUT1. Además hemos iniciado la caracterización de los transportadores de monocarboxilatos MCT1 y MCT2. Utilizando anticuerpos anti-GLUT1 logramos detectar mediante Western blot una banda de 50kDa. Los análisis inmunohistoquímicos revelaron que GLUT1 se localiza en plexos coroideos, neuropilo y procesos vasculares de la glia radial. Hemos obtenido una secuencia de 383pb, que presenta un 80% de identidad con el RNAm de GLUT1 de rata. Mediante la utilización de anticuerpos anti-MCT1 se logró detectar por Western blot dos bandas de 52 y 100kDa. Mediante inmunohistoquímica para MCT1 y MCT2 hemos determinado la localización de estos transportadores en el cerebro de tiburón. MCT1 se localizó en el neuropilo, plexos coroideos, glia radial, vasos sanguíneos y en el soma neuronal. MCT2 se encontró en vasos sanguíneos y algunas neuronas. Nuestros datos demuestran que la glia radial metabolizaría la glucosa captada directamente de la sangre y posiblemente entregaría lactato al parénquima cerebral, de manera similar a lo descrito en el cerebro de mamíferos en la teoría de acoplamiento metabólico.

Financiado por Anillo ACT-02.

## GF-β1 REQUIERE LA EXPRESIÓN DEL RECEPTOR II DE TGF-β PARA INHIBIR EL TRANSPORTE DE ADENOSINA EN ENDOTELIO FETAL HUMANO (TGF-β1 requires expression of TGF-β type II receptor to inhibit adenosine transport in human fetal endothelium).

Vega, J.L., Farías, M., Casanello, P., Sobrevía, L.

Laboratorio de Fisiología Celular y Molecular (CMPL) y Laboratorio de Investigación en Perinatología (PRL), Departamento de Obstetricia y Ginecología, CIM, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile.

TGF-β1 aumenta la síntesis de óxido nítrico (NO). NO disminuye el transporte de adenosina vía el transportador equilibrativo 1 (hENT1) en endotelio de vena umbilical humana (HUVEC). Estudiamos si TGF-β1 modifica la expresión y/o actividad de hENT1 en HUVEC. HUVEC fueron expuestas a TGF-β1 (2 ng/ml, 0-6 h) en ausencia o presencia de L-NAME (inhibidor NOS, 100 μM) o SNAP (dador NO, 100 μM). Se determinó: transporte de [<sup>3</sup>H]adenosina (4 μCi/ml, 20 seg), nivel de mRNA (RT-PCR) y abundancia de proteína hENT1 (Western-blot), y actividad del promotor de *SLC29A1* (constructos: -2154, -1114 pb) por actividad luciferasa, en HUVEC controles y transducidas con receptor II trunco para TGF-β (TTβRII). TGF-β1 disminuye:  $V_{max}$  (~55%) del transporte, nivel de mRNA (~50%) y abundancia de la proteína (~60%) hENT1, actividad del promotor *SLC29A1* (~35%). SNAP no alteró, pero L-NAME bloqueó el efecto de TGF-β1. HUVEC transducidas con TTβRII no responden a TGF-β1. La activación de receptor II de TGF-β por TGF-β1 inhibe el transporte de adenosina disminuyendo la expresión de *SLC29A1* mediada por NO en HUVEC.

JLV (DIPUC-VRAID), MF (CONICYT/PUC), FONDECYT 1070865/VRAID BM16/2007.

## BIOLOGÍA EVOLUTIVA I

### FILOGEOGRAFÍA DE *BATRACHYLA LEPTOPUS* BELL, 1843 (ANURA: LEPTODACTYLIDAE) EN LOS BOSQUES SUBANTÁRTICOS DE CHILE (Phylogeography of *Batrachyla leptopus* Bell, 1843 (Anura: Leptodactylidae) in the subantarctic forest of Chile).

Vera, I.M.<sup>1</sup>, Victoriano, P.<sup>1</sup>, Sites, J.W.<sup>2</sup>, Núñez, J.<sup>3</sup> y Segovia, R.A.<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. <sup>2</sup> Department of Integrative Biology, College of Life Sciences, BYU. <sup>3</sup> Instituto de Zoología, Facultad de Ciencias, UACH. <sup>4</sup> Facultad de Ciencias, Universidad de Chile; Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

Durante el Pleistoceno tardío y Holoceno temprano, las Regiones de Aysén y Los Lagos estuvieron expuestas a grandes modificaciones del paisaje producto de la última glaciación. En este periodo ocurrió el Último máximo glacial (UMG), evento que generó la mayor cobertura reciente de los hielos en el sur de Sudamérica afectando directamente la distribución de las especies del sur de Chile. Bajo estas consideraciones se realizó un estudio filogeográfico de *Batrachyla leptopus*, anuro sensible a bajas temperaturas, con distribución geográfica bajo efecto glacial durante el UMG. Los resultados obtenidos en la Región de Aysén señalan que las poblaciones de *B. leptopus* son recientes, dramáticamente afectadas por el efecto glacial y que actualmente se encontraría en expansión en dicha Región. Por otra parte, los resultados para la Región de Los Lagos, señalan poblaciones más antiguas, posiblemente persistentes en refugios glaciales en la Isla de Chiloé durante el UMG.

Patrocinio: Dirección de Investigación Universidad de Concepción (DIUC), NSF Pire Speciation in Patagonia.

### FILOGEOGRAFÍA DE *OCTODON DEGUS* (RODENTIA: CAVIOMORPHA) (Phylogeography of *Octodon degus* (Rodentia: Caviomorpha)).

Valladares, F.P., Poulin, E. y Vásquez, R.A.

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

El *Octodon degus* es una especie de roedor caviomorfo, con hábitos semifosoriales, herbívoro y que habita ambientes xéricos de Chile central, desde los 28°30' a los 34°S. Su distribución comprende tanto la franja costera como el valle longitudinal, y hasta los 2.700 msnm en algunos sectores del muro andino. Actualmente, en la zona central de Chile se encuentra restringido principalmente a las estepas de matorral espinoso. Esta amplia distribución se

debe a una historia evolutiva particular, la que estaría asociada a los cambios climáticos postglaciales del cuaternario. Esta hipótesis se ha corroborado preliminarmente con análisis de coalescencia, construyendo redes de haplotipos generadas por secuencias de DNA mitocondrial, específicamente del Dloop y de análisis de filogenia por medio del algoritmo de Máxima Verosimilitud. Dichos resultados muestran que habría ocurrido una migración de norte a sur en Chile centro-norte, existiendo una fuerte estructuración en las poblaciones del norte (valle del río Huasco, III Región y Bocatoma-C. Los Molles, IV Región). Sin embargo, las poblaciones de la zona central (La Campana y San Felipe, V Región; Rinconada de Maipú, La Dehesa, Lampa, R. Metropolitana) se presentan mucho menos estructuradas, y por lo tanto interconectadas entre sí, existiendo al parecer un flujo génico actual y/o histórico. También se ha podido observar que a partir de la zona central (probablemente una metapoblación) se ha originado una población diferenciada haplotípicamente en La Dehesa. Estos resultados se relacionarán con fenotipos conductuales en las distintas poblaciones, como lo son las estrategias antidepredatorias frente a estímulos odoríferos de depredadores terrestres.

Financiamiento: FONDECYT 1060186, ICM-P05-002.

### LAS ESPECIES DEL GÉNERO ORESTIAS (TELEOSTEI: CYPRINODONTIDAE) DEL ALTIPLANO SUR (the species of the genus *Orestias* (Teleostei: Cyprinodontidae) from the southern altiplano).

Scott, S.<sup>1,2</sup>, Méndez, M.A.<sup>1</sup>, Iturra, P.<sup>3</sup> y Vila, I.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Laboratorio de Genómica Evolutiva, INTA, Universidad de Chile.

<sup>2</sup> Laboratorio de Limnología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

<sup>3</sup> Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

*Orestias* es un género endémico de los sistemas lóticos y lacustres endorreicos de la cuenca Interandina. Actualmente se reportan 44 especies de *Orestias*, seis de las cuales pertenecen al Altiplano Sur (grupo *agassii*). Con la finalidad de evaluar la validez de las especies descritas a la fecha, se realizó un estudio de sistemática molecular utilizando el gen ND2 y Citocromo y una caracterización cromosómica y morfológica de las especies de este grupo. Los resultados muestran que las poblaciones del Salar de Ascotan y del Salar de Carcote, ambas descritas como *O. ascotanensis*, corresponderían a dos unidades evolutivas distintas. Asimismo, para el caso de *O. agassii*, descrita para las localidades de Isluga y Huasco, se encontró que no corresponderían al mismo linaje. Para las cuatro especies de *Orestias* descritas para el Parque Nacional Lauca, no se encontró diferenciación a nivel filogenético. Por otra parte, los caracteres morfométricos y cariotípicos permiten diferenciar a todas las especies de este grupo. Se discute los probables mecanismos que explicarían la especiación en este grupo.

Proyecto MULT 05/04-2. Universidad de Chile, FONDECYT 1061256; S. Scott: MeceSup UCO-214.

## RECONSTRUCCIÓN FILOGENÉTICA DEL GÉNERO *LEUCOCORYNE* (ALLIACEAE), INFERIDA CON CARACTERES MOLECULARES (Phylogenetic reconstruction of *Leucocoryne* genus (Alliaceae), inferred with molecular characters).

Jara, P.A.<sup>1, 2, 3, 5</sup>, Kalin, M.T.<sup>1, 2</sup>, Hinojosa, L.F.<sup>1, 2</sup>, Palma, C.<sup>4</sup>, Arancio, G.<sup>4</sup> y Méndez, M.<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Ecología y Biodiversidad. <sup>2</sup> Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. <sup>3</sup> Fundación Senda Darwin. <sup>4</sup> Departamento de Biología, Universidad de La Serena. <sup>5</sup> Laboratorio de Genómica Evolutiva, INTA.

El género endémico a Chile *Leucocoryne* (Alliaceae) está conformado por 15 especies, más *L. coquimbensis* var. *alba* y la afinidad *vitatta*. *Leucocoryne*, se distribuye entre los 20° y 37°S, con una mayor riqueza de especies en la zona Mediterránea árida, semiárida y perárida. En este trabajo se presentan las relaciones filogenéticas de las especies género *Leucocoryne*, y se relacionan los patrones de divergencia con el período y desarrollo de la zona Mediterránea Árida y Semiárida de Chile. Para establecer las relaciones filogenéticas se secuenció el gen del cloroplasto trnF-trnL y gen nuclear ITS1-ITS4-1, considerando como grupo externo individuos de la familia Alliaceae (*Miersia*, *Tristagma* y *Nothoscordum*) y Amaryllidaceae (*Rhodophiala* y *Phycella*). La estimación de las relaciones filogenéticas fueron establecidas utilizando métodos de inferencia filogenética: Parsimonia, Máxima Likelihood e Inferencia Bayesiana. Los resultados muestran la formación de dos grupos fuertemente soportados entre las especies estudiadas y que *L. narcissoides* no forma parte de estos grupos. Los resultados sugieren que el origen de la mayoría de las especies del género en estudio es posterior al Pleistoceno.

Beca doctoral CONICYT, Beca AT24060111, P. Milenio P02-051-F.

## EVOLUCIÓN MORFOLÓGICA DE *LIOLAEMUS PICTUS* EN EL ARCHIPIÉLAGO DE CHILOÉ (Morphological evolution of *Liolaemus pictus* from Chiloé Archipelago).

Vidal, M., Poulin, E. y Medel, R.

Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Casilla 653, Santiago.

Cuando las especies de vertebrados que habitan en islas son comparadas con especies equivalentes en el continente, ellas están generalmente caracterizadas por rasgos morfológicos peculiares y un clásico ejemplo de esto corresponde a la evolución del tamaño corporal que puede derivar en gigantismo o en enanismo. Varias fuerzas selectivas pueden explicar la evolución del tamaño en islas como por ejemplo un reducido riesgo de depredación y competencia intraespecífica y una limitación en los recursos. *Liolaemus pictus* es una de las especies de lagartijas más austral en Chile y se han descrito seis subespecies a partir de caracteres morfológicos tanto en el continente como en islas. En este trabajo se examina si los cambios en morfología en las diferentes subespecies de *L. pictus* son congruente con su

historia filogeográfica dentro del archipiélago de Chiloé. Los resultados soportan la hipótesis de que la evolución morfológica de *L. pictus* puede ser atribuida a diferentes presiones selectivas entre las poblaciones insulares y continentales, pero esta no está relacionada a su estructura filogeográfica después del Último Máximo Glacial.

Agradecimientos: AT-24050037 y PG-4-2005 (MV) y Anillo ACT 34/2006 (RM)

## RELACIONES FILOGENÉTICAS DE LA CEPA ANDES DE *HANTAVIRUS* (ANDV) A LO LARGO DE SU RANGO DE DISTRIBUCIÓN Y COEVOLUCIÓN CON *OLIGORYZOMYS LONGICAUDATUS* (Phylogenetic relationships of the Andes strain of Hantavirus (ANDV) along its range of distribution and coevolution with *Oligoryzomys longicaudatus*).

Belmar-Lucero, S.<sup>1</sup>; Torres-Pérez, F.<sup>2, 5</sup>; Medina, R. A.<sup>5</sup>; Ferrés, M.<sup>3</sup>; Godoy, P.<sup>3</sup>; Vial, P.<sup>4</sup>; Hjelle, B.<sup>5</sup> y Palma, R. E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad y Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile. <sup>2</sup> Biology Department, University of New Mexico, USA. <sup>3</sup> Laboratorio de Infectología, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile. <sup>4</sup> Facultad de Medicina, Universidad del Desarrollo. <sup>5</sup> Department of Pathology, University of New Mexico.

El género *Hantavirus* (Bunyaviridae) es un grupo de virus RNA segmentados, de distribución cosmopolita y asociados predominantemente a especies de roedores silvestres. En Chile, aproximadamente 480 casos de síndrome pulmonar por *Hantavirus* (HPS) han sido reportados desde 1995, cuyo agente etiológico es la cepa Andes de *Hantavirus* (ANDV). A la fecha, 5 especies de roedores sigmodontinos han sido descritos como seropositivos a ANDV, siendo el principal reservorio de ella *Oligoryzomys longicaudatus* ("colilargo"), especie distribuida desde aproximadamente los 27 hasta 55° S en Chile.

Estudios filogenéticos previos han demostrado que las relaciones entre *Hantavirus* son congruentes con aquellas de sus roedores hospederos, sugiriendo una asociación coevolutiva de larga data. Por otra parte, en Chile, diversos estudios han mostrado una elevada homogeneidad genética para *O. longicaudatus*. No obstante, su filogenia intraespecífica muestra la ocurrencia de tres clados correspondientes, cada uno de ellos, a una de las tres principales regiones ecogeográficas del país.

En esta investigación, evaluamos las relaciones filogenéticas de la cepa Andes de Hantavirus, a lo largo de su rango de distribución geográfica, basados en secuencias nucleotídicas de los segmentos S y M del genoma viral. Los resultados demuestran que las secuencias nucleotídicas de ANDV presentan una estructuración geográfica congruente con la de *O. longicaudatus*. Estos antecedentes sustentan la existencia de una estrecha asociación coevolutiva entre ANDV y su hospedero.

Palabras clave: *Hantavirus*; *Oligoryzomys longicaudatus*; Coevolución.

Agradecimientos: NIH Hantavirus Grant Chile-Panamá, CASEB 1501-0001 y Fondecyt 1070331.

**EVOLUCIÓN DEL TAMAÑO CORPORAL DE LOS PARÁSITOS *AGGREGATA* Y DE SUS HOSPEDADORES CEFALÓPODOS (Evolution of body size of parasites *Aggregata* and their cephalopod hosts).**

Pardo-Gandarillas, M.C., Ibáñez, C.M., Méndez, M. y Poulin, E.

<sup>1</sup> Instituto de Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Ecológicas. <sup>2</sup> INTA, Universidad de Chile, pardogandarillas@gmail.com

En las asociaciones parásito-hospedador frecuentemente ocurren procesos de coadaptación y/o coespeciación, reflejados en congruencias filogenéticas. El proceso no principia sin la especificidad parasitaria, condición consistente de los coccidios *Aggregata* en sus hospedadores cefalópodos. Ciertos rasgos de los parásitos habrían evolucionado como adaptaciones específicas que podrían ser analizados tanto en la filogenia de los parásitos como de sus hospedadores. Se obtuvieron secuencias del gen 16S de siete especies de cefalópodos desde Genbank y técnicas convencionales. Mediante procedimientos Bayesianos se generaron 5.073 árboles filogenéticos de los hospedadores. La evolución de la longitud de los ooquistes de los parásitos, y del manto de los cefalópodos se estimaron mediante el modelo de Markov tiempo-continuo. La evolución de la longitud de los ooquistes de los coccidios sugiere un modelo Browniano y evolución puntuada. La filogenia de los cefalópodos recapitula bastante bien la historia evolutiva de la longitud del manto, ajustándose a un modelo Browniano de evolución gradual. Sin embargo, ambos rasgos no presentaron evidencia de evolución correlacionada. Esto sugiere, que la dirección evolutiva de la alta especificidad en los rasgos de los coccidios, podría haber estado determinada por los cefalópodos, y haber generado una larga historia co-filogenética.

Agradecimientos: Corporación IEB (P05-002 ICM), MECESUP (UCO-0214).

**COEVOLUCIÓN Y VALOR ADAPTATIVO DE LA COLORACIÓN DE OTOÑO DE ÁRBOLES: PREFERENCIA DE COLOR Y TASA DE CRECIMIENTO DEL ÁFIDO DEL RUIL (Coevolution and the adaptive value of autumn tree colours: colour preference and growth rates of a southern beech aphid).**

Ramírez, C.C.<sup>1</sup>, Lavandero, B.<sup>1</sup> y Archetti, M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Biología Vegetal y Biotecnología, Universidad de Talca, Talca, Chile. <sup>2</sup> Department of Zoology, Oxford University, Oxford, UK.

La explicación evolutiva para el cambio de coloración de las hojas en otoño es todavía materia de debate. La coloración de otoño podría constituir una señal honesta de capacidad defensiva (hipótesis coevolutiva), o bien una adaptación que permite evitar el daño físico debido a la acción de la luz en bajas temperaturas (hipótesis de fotoprotección). Estas hipótesis tienen diferentes predicciones: bajo la hipótesis coevolutiva los insectos no debieran preferir hojas rojas en otoño y desarrollar mayor desempeño en primavera en árboles que tuvieron hojas verdes en otoño. Bajo la hipótesis de la fotoprotección, los insectos debieran preferir hojas rojas en otoño y también desarrollar en ellos mayor desempeño en primavera, debido a que estos les proveerían de mejor nutrición. Estas predicciones se contrastaron estudiando la conducta de preferencia de colores en otoño y desempeño reproductivo en primavera en el áfido *Neuquenaphis staryi*, herbívoro especialista del Ruil (*Nothofagus alessandrii*). Se determinó que en otoño los insectos prefieren hojas verdes y que en primavera no hay tasas reproductivas diferenciales. Nosotros sugerimos que la preferencia por color verde en áfidos habría evolucionado como una manera de explotar mejor su hospedero durante el otoño, más que mejorar el desempeño en primavera.

Agradecimiento: Anillo PBCT ACT38.



## BOTÁNICA I

### RELACIONES ALOMÉTRICAS ENTRE TAMAÑO FLORAL Y LARGO DE ESPINAS DENTRO DEL COMPLEJO *ERIOSYCE SUBGIBBOSA* (CACTACEAE) (Alometric relationship between floral and spines sizes within the complex *Eriosyce subgibbosa* (Cactaceae)).

Guerrero, P.C.<sup>1</sup> y Bustamante, R.O.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile (pablo.c.guerrero@gmail.com).

<sup>2</sup> Instituto de Ecología y Biodiversidad.

La familia cactácea posee un elevado número de taxa y una alta variabilidad morfológica. El complejo *Eriosyce subgibbosa* (Haw.) Katt. posee varias taxa distribuidas en el litoral de Chile central. *E. subgibbosa* requiere de la visita de polinizadores para la producción de sus frutos. Se evaluó la relación del largo de la espina interior de la areola y el largo floral, debido a que el largo de espina podría restringir el acceso de los polinizadores. Se estudiaron 8 poblaciones correspondiendo a las taxa: *E. subgibbosa* subsp. *clavata*, *E. subgibbosa* subsp. *nigrihorrida*, *E. subgibbosa* subsp. *subgibbosa* var. *litoralis*, *E. subgibbosa* subsp. *vallenarensis* y *E. subgibbosa* subsp. *wagenknechtii*. Se encontraron regresiones significativas en 3 de las 5 taxa estudiadas; solo *E. subgibbosa* subsp. *subgibbosa* var. *litoralis* y *E. subgibbosa* subsp. *vallenarensis* no hubo relación significativa. En las otras taxa se observa que individuos con espinas de mayores tamaños poseen largo de flores mayores. Asimismo, la pendiente de la relación largo espina interior y largo floral es de tipo alométrica y varía entre las taxa. La evolución del tamaño de floral y de las espinas podría estar determinada en parte por el tipo y calidad de los polinizadores.

Agradecimientos: A Helmut Walter, financiamiento Proyecto ICM P05 - 002.

### FITOTOXICIDAD POR ALUMINIO: RESPUESTA DE *VACCINIUM CORYMBOSUM* L. Y *UGNI MOLINAE* TURCZ (Phytotoxicity for aluminium: response of *Vaccinium corymbosum* L. and *Ugni molinae* Turcz).

Inostroza-Blancheteau, C.<sup>1</sup>, Reyes-Díaz, M.<sup>2</sup>, Rojas-Lillo, Y.<sup>2</sup>, Seguel, I.<sup>3</sup>, Alberdi, M.<sup>2</sup> y Mora, M.L.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales. <sup>2</sup> Instituto de Agroindustria, Universidad de La Frontera. <sup>3</sup> INIA, Carillanca, Temuco, Chile.

En suelos ácidos (Andisoles) del sur de Chile, ricos en aluminio (elemento fitotóxico) se cultiva *Vaccinium corymbosum* (arándano) y *Ugni molinae* (murtilla). Se pretende identificar genotipos resistentes a aluminio. Se

evaluó la respuesta de arándano cv. Briggitta, Legacy, Bluegold y líneas de murtilla M-17, M-19 y M-23 en solución hidropónica de CaCl<sub>2</sub> con concentraciones de aluminio entre 0-100 µM durante 24h, 48h y posterior recuperación. Se midió la eficiencia fotoquímica potencial del PSII (Fv/Fm), apagamiento fotoquímico (qP), apagamiento no-fotoquímico (NPQ) y tasa de transporte de electrones (ETR) por fluorescencia de la clorofila *a*, longitud radical (LRR) y tinción radical con hematoxilina. Ambas especies presentaron una resistencia diferencial a aluminio. Fv/Fm se ubicó en rangos normales (0,8) en M-23, disminuyendo (12%) en las otras líneas y cultivares de arándano. NPQ se mantuvo estable (1-2.5). qP y ETR no variaron en M-23 y M-19, disminuyendo 30% en M-17. Briggitta descendió fuertemente (60%) a las 24h de tratamiento, aclimatándose posteriormente. Legacy y Bluegold presentaron un mayor descenso (70-85%) de estos parámetros. M-23 fue más resistente a aluminio, como lo indica la estimulación del crecimiento radical y los parámetros de fluorescencia, siendo Bluegold el más sensible.

Bicentenario-CONICYT.

### CAMBIOS EN LA ACLIMATACIÓN A LA LUZ EN *NOTHOFAGUS NITIDA* DURANTE ESTADOS DE DESARROLLO TEMPRANOS (Changes in light acclimation in *Nothofagus nitida* during early developmental stages).

Coopman, R.E.<sup>1</sup>, Reyes-Díaz, M.<sup>2</sup>, Briceño, V.F.<sup>1</sup>, Cabrera, M., Bravo, L.A.<sup>1</sup> y Corcuera, L.J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Botánica, Universidad de Concepción.

<sup>2</sup> Instituto de Agroindustria, Universidad de La Frontera. Facultad de Ciencias, Universidad Católica de Valparaíso, Chile.

*Nothofagus nitida* is an emergent species that regenerates under the canopy. Saplings are commonly found in clear areas indicating that during its development acquires the capacity to grow under high light. This shade-sun transition occurs at early developmental stages. We examined the performance of the photosynthetic apparatus of *N. nitida* with light acclimation (PPFD: 20, 300 and 600 µmol photons m<sup>-2</sup>s<sup>-1</sup>, for 45 days) at different heights (16, 48 and 73 cm). Light compensation and saturation points, and maximal CO<sub>2</sub> assimilation increased with PPFD. Medium and tall plants showed higher electron transport rate and more open PSII centers than small plants at 600 PPFD. Small plants showed higher thermal dissipation. All plants at 600 PPFD before a photoinhibitory treatment showed increased levels of the fast relaxing component of non-photochemical quenching and low values of the slow relaxing component. Medium and tall plants acclimated to 600 PPFD were able to recover after photoinhibition treatment (2000 PPFD). State transitions were higher in small plants grown at 20 PPFD, and decreased with plant height and with higher PPFD. The light acclimation increased with age and higher PPFD.

FONDECYT 1070551; RC: Becario CONICYT.

## DURACIÓN DE LAS FASES DE SENSIBILIDAD A FOTOPERIODO EN *ARABIDOPSIS THALIANA* LANDSBERG ERRECTA DETERMINADA MEDIANTE EXPERIMENTOS DE TRANSFERENCIA RECÍPROCA.

Villegas, D., y Alcalde, A.

Departamento Frutícola, Facultad de Agronomía, Pontificia Universidad Católica de Chile.

En la gran mayoría de las plantas anuales o bianuales, el momento de la floración está determinado por factores medioambientales pudiendo esta ser modificada genéticamente. Algunas plantas sensibles a fotoperiodo pueden ser inducidas a florecer mediante la aplicación de un solo ciclo inductivo día/noche (por ejemplo *Pharbitis nil*, *Sinapis alba*), mientras que otras presentan largos periodos de sensibilidad a fotoperiodo requiriendo entonces varios ciclos día/noche adecuados para inducirse. Mediante la transferencia recíproca de plantas cultivadas desde día largo (DL) hacia día corto (DC) y viceversa a intervalos periódicos de tiempo desde la siembra, se puede estimar la duración de las etapas sensible e insensible a fotoperiodo previo a la floración. En este trabajo, un procedimiento analítico desarrollado por Ellis et al. [Ann. Bot. 70: 87-92] para soya y otras plantas anuales fue utilizado para analizar la duración desde siembra a floración de plantas de *Arabidopsis thaliana* Landsberg erecta sometidas a ensayos de transferencia recíproca con el objetivo de estimar la duración de estas fases. Los resultados indican que: a) Plantas cultivadas en fotoperiodo de 10 h d<sup>-1</sup> (DC) florecen en promedio 24.1 días más tarde que aquellas cultivadas en fotoperiodo de 20 h d<sup>-1</sup> (DL). b) Una fase sensible para tiempo a floración fue detectada comenzando aproximadamente 2.6 días después de siembra y que dura por 20.7 días bajo condiciones de DL o 44.8 días bajo condiciones de DC. c) Plantas transferidas desde DL a DC y viceversa a intervalos periódicos durante la fase sensible modifican su tiempo a floración de forma gradual lo que implicaría una modulación de carácter cuantitativa del tiempo a floración. d) La fase postsensitiva dura 3.1 días. Este comportamiento es similar al descrito para otras especies previamente evaluadas en las cuales las diferencias en el momento de floración son explicadas por las diferencias en la duración de las fases sensibles a fotoperiodo.

Patrocinio: Pastenes, C.

## RESPUESTAS DE *POLYTRICHUM ALPESTRE* A LA RADIACIÓN UV-B EN CONDICIONES ANTÁRTICAS (Responses of *P. alpestre* to UV-B radiation in antarctic conditions).

Zamora, P. y Zúñiga, G.E.

Laboratorio de Fisiología y Biotecnología Vegetal, Universidad de Santiago de Chile.

El ecosistema antártico se encuentra dominado por Líquenes y Briofitas. Las briofitas son particularmente susceptibles al daño por la radiación UV-B debido a su estructura simple, y su carencia de epidermis. La

sobrevivencia de las briofitas en un ambiente extremo como el Antártico depende de su capacidad para aclimatarse rápidamente al ambiente. Entre los mecanismos propuestos para tolerar el ambiente destaca la acumulación de pigmentos que absorben la radiación UV-B dañina y permiten el paso de la radiación fotosintéticamente activa. En de este trabajo se evaluaron respuestas del musgo *P. alpestre* a diferentes niveles de radiación UV-B en la Isla Robert, Shetland del Sur, Antártica Marítima. Los parámetros evaluados fueron fluorescencia del fotosistema II, contenido de pigmentos que absorben radiación UV-B y capacidad antioxidante.

Los resultados obtenidos muestran que la eficiencia fotosintética del musgo permanece estable durante el día. La capacidad antioxidante fue mayor en las horas de mayor intensidad de los rayos UV-B, coincidiendo con un aumento en los niveles de compuestos que absorben UV-B y flavonoides. Un análisis mediante cromatografía líquida de alta eficiencia (HPLC), mostró cambios significativos en los perfiles de compuestos fenólicos en relación a los niveles de radiación UV-B-. Los resultados permiten sugerir que *P. alpestre*, presenta eficientes mecanismos que le permiten tolerar el extremo ambiente antártico.

## CAPACIDAD ANTIOXIDANTE DE VARIEDADES DE ARÁNDANO (Antioxidant capacity of blueberries cultivars).

Barrientos, H., Jerez, S., Montalba, R.<sup>b</sup> y Zúñiga, G.E.

Laboratorio de Fisiología y Biotecnología Vegetal, Universidad de Santiago de Chile. <sup>b</sup> Departamento de Ciencias Agronómicas y Recursos Naturales, Universidad de La Frontera.

Extractos comestibles de arándano poseen un amplio rango de propiedades terapéuticas, farmacológicas y anticarcinogénicas. La presencia de polifenoles en frutos y vegetales aumenta el estatus antioxidante del organismo, aumentando su resistencia a enfermedades. Los polifenoles son metabolitos secundarios con una gran capacidad antioxidante y juegan un papel importante en la prevención de enfermedades degenerativas como el cáncer. Con el propósito de poder utilizar el arándano en el desarrollo de alimentos funcionales, con propiedades terapéuticas se ha iniciado un programa orientado a evaluar la capacidad antioxidante de hojas variedades de arándano que crecen en Chile.

Se tomaron muestras de hojas de arándano de las variedades Legacy, Duke, Briguitta, Misty y O'Neil cultivadas bajo diferentes condiciones de manejo. Las hojas fueron sumergidas en etanol 85%, durante 48 hrs, al cabo del cual se evaluó la capacidad antioxidante midiendo su capacidad para reaccionar con el radical libre DPPH se analizaron perfiles de compuestos fenólicos mediante cromatografía líquida de alta eficiencia.

Todas las variedades analizadas presentaron una alta capacidad antioxidante, la que correlacionó con los niveles de ácido clorogénico, ácido cafeico y esculetina.

Se postula que las hojas de arándano representan una fuente importante de principios antioxidantes para uso en cosmética e industria alimentaria.

**RESPUESTA ANTIOXIDANTE EN RAÍCES ECTOMICORRIZADAS DE NOTHOFAGUS DOMBEYI (MIRB.) OERST. SOMETIDAS A ESTRÉS HÍDRICO (antioxidant response in ectomycorrhizal roots of *Nothofagus dombeyi* (Mirb.) Oerst. under water stress).**

**Fernández, C.\*; Álvarez, M.\*; Godoy, R.\*; Alberdi, M.\*\* y Valenzuela, E.\*\***

\* Instituto de Botánica e \*\*\* Instituto de Microbiología, Universidad Austral de Chile, Casilla 567, Valdivia, Chile.

\*\* Departamento de Ciencias Químicas, Facultad de Ingeniería, Ciencias y Administración, Universidad de La Frontera. FONDECYT 1040913.

Se cuantificaron los marcadores de daño oxidativo peróxido de hidrógeno (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) y malondialdehído (MDA) y las actividades enzimáticas antioxidantes superóxido dismutasa (SOD), catalasa (CAT), ascorbato peroxidasa (APX) y glutatión reductasa (GR) en raíces de *Nothofagus dombeyi* de un año de edad. La matriz de tratamientos incluyó cuatro niveles de contenido hídrico e inoculación con los hongos ectomicorrízicos *Pisolithus tinctorius* y *Descolea antarctica*.

La menor concentración de H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> y MDA se encontró en las plantas micorrizadas. Las mayores actividades de SOD y GR se determinaron en el tratamiento con *P. tinctorius*, mientras que las actividades aumentadas de CAT y APX se encontraron en el tratamiento con *D. antarctica*. Todas las enzimas aumentaron su actividad bajo condiciones de estrés hídrico.

En conclusión, la inoculación con *P. tinctorius* y *D. antarctica* influye en el manejo del estrés hídrico de *N. dombeyi* mediante el aumento de las actividades enzimáticas antioxidantes y se propone a las dos especies fúngicas como potenciales simbiosis con el fin de aumentar la tolerancia a la sequía de *N. dombeyi* en prácticas de vivero y posterior establecimiento de plantaciones.

**TERMOTOLERANCIA DEL APARATO FOTOSINTÉTICO DE PLANTAS DE POROTO (*PHASEOLUS VULGARIS* L.) INDUCIDA POR ESTRÉS HÍDRICO (Water stress induced thermotolerance in the photosynthetic apparatus on beans).**

**González-Cruz, J., y Pastenes, C.**

Laboratorio de Fisiología del Estrés en Plantas, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile.

Las plantas superiores están constantemente expuestas a un ambiente muy variable, que en ocasiones puede conllevar a daño oxidativo. Frente a estos estreses ambientales, estas han debido desarrollar o fortalecer numerosos mecanismos de protección que se activan dependiendo del tipo de estrés, de su magnitud y duración. Se ha observado que la exposición a un estrés en particular, frecuentemente induce la tolerancia a otro diferente, fenómeno conocido como tolerancia cruzada. Es el caso de la termotolerancia del aparato fotosintético que se observó en plantas de porotos desarrolladas bajo condiciones de riego deficitario. Estas plantas presentaron una temperatura umbral de daño irreversible, calculada mediante el seguimiento de la fluorescencia mínima (Fo), significativamente mayor que las plantas control. Durante el período de restricción de riego, la planta no solo modifica algunos componentes del aparato fotosintético, como es el contenido de clorofilas y xantofilas, sino que además varía la proporción de lípidos de membrana del cloroplasto (MGDG, DGDG, PG) y sus respectivos ácidos grasos, con respecto a las plantas control. Por otra parte, se comparó la morfología de las células foliares y la ultraestructura de los cloroplastos mediante las técnicas de microscopía óptica y electrónica, respectivamente, en ambos tratamientos. En el trabajo, se evalúa y discute la importancia relativa de estas adaptaciones en la resistencia cruzada entre la restricción de riego y altas temperaturas en dos variedades de poroto.

## ECOLOGÍA I

### USO DE MICROHÁBITAT POR ANUROS DEL GÉNERO *EUPSOPHUS* EN BOSQUES TEMPLADOS DEL SUR DE CHILE (micro-habitat use by *Eupsophus* frogs in temperate forests of southern Chile).

Osorio-Zúñiga, F.<sup>1</sup>, Silva-Rodríguez, E.<sup>1, 2</sup> y Soto-Gamboa, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Zoología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. <sup>2</sup> School of Natural Resources and Environment, University of Florida.

Los anfibios son buenos indicadores del estado del ambiente. Sin embargo, son escasos los trabajos del uso de microhábitat de bosques templados por anuros. Con este fin, se determinó presencia-ausencia de anuros bajo 200 troncos ubicados en transectos paralelos al eje principal, distanciados 300 m entre sí. Se cuantificó un total de 11 variables, las cuales fueron analizadas a través de modelos de regresión logística. Se detectó un total de seis especies de anuros (96 individuos) asociadas a troncos. El 86,5% de los ejemplares pertenecían a *Eupsophus roseus* y *E. vertebralis*. Además se capturó *Alsodes* aff. *valdiviensis*, *Batrachyla antartandica*, *B. leptopus* y *Rhinoderma darwini*. La probabilidad de ocurrencia de *E. roseus* fue mayor en troncos con escasa descomposición y con el incremento del diámetro del tronco. *E. vertebralis*, presentó mayor probabilidad de ocurrencia en proximidades de caminos, mayor distancia de esteros y al incrementarse la superficie cubierta por troncos. La ocurrencia de más de una especie por tronco fue casi nula. Estos resultados muestran una fuerte asociación entre el área cubierta por troncos y probabilidad de ocurrencia de ambas especies, sin embargo existe una aparente segregación en el uso del espacio por anfibios congénicos.

### INFLUENCIA DEL ESTADO REPRODUCTIVO SOBRE LAS CONDUCTAS DE VIGILANCIA Y FORRAJE EN UNA POBLACIÓN NATURAL DE *OCTODON DEGUS* (Influence of the reproductive state over vigilance and foraging behaviors in a natural population of *Octodon degus*).

Parra, D.V. y Vásquez, R.A.

Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Departamento Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La reproducción en mamíferos implica un aumento en las demandas energéticas –gestación y lactancia– y antidepredatorias –cuidado parental–, por lo que es esperable que la asignación de tiempo a conductas de

forrajeo y vigilancia se vean afectadas durante el período reproductivo. Se realizaron observaciones focales de hembras de una población natural de *Octodon degus* explotando un parche artificial de alimento. Evaluamos el efecto del período reproductivo sobre las conductas de vigilancia y forrajeo. Se distinguieron 3 etapas del período reproductivo: inicio del período, preñez avanzada y lactancia. En la preñez avanzada y lactancia, aumentó la vigilancia y disminuyó el forrajeo en comparación con el inicio del período reproductivo. No se encontraron diferencias en la velocidad de escape durante el período reproductivo completo. El aumento en la vigilancia en desmedro del forrajeo durante la lactancia, sugiere que el cuidado parental tiene un mayor peso en las asignaciones temporales del degu que los altos requerimientos energéticos asociados a dicho período. Financiamiento: Beca término de tesis de Magíster IEB, ICM P05-002, FONDECYT 1060186.

### CONDUCTA ANTIDEPREDATORIA DEL RAYADITO (*APHRASTURA SPINICAUDA*) DURANTE EL PERIODO REPRODUCTIVO (Anti-predator behavior of the thorn-tailed Rayadito (*Aphrastura spinicauda*) during the breeding season).

Ippi, S. y Vásquez, R.A.

Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento Ciencias Ecol., Universidad de Chile.

La conducta antidepredatoria es un importante factor en el éxito reproductivo de las aves. El rayadito es un paseriforme suboscino, endémico del bosque templado austral. Se ha descrito que frente a situaciones de riesgo, despliega conductas llamativas, acompañadas de fuertes y repetidos llamados de alarma. Comparamos la conducta antidepredatoria del rayadito frente a dos tipos de depredadores durante la estación reproductiva. El trabajo se realizó en la isla de Chiloé, durante la primavera-verano de 2006. Se utilizaron modelos taxidermizados de *Glaucidium nanum* (ave rapaz, depredador de adultos), *Dromiciops gliroides* (mamífero, depredador de huevos y pichones) y *Zonotrichia capensis* (ave, control). Los rayaditos exhibieron conductas de alarma durante la exposición de *G. nanum*, permaneciendo más tiempo a menor distancia y emitiendo más llamados de alarma, que frente a *D. gliroides* y el control. Asimismo, la presencia de *G. nanum* evita que la pareja entre al nido. Frente al mamífero, el rayadito alimenta a los polluelos con menor frecuencia que frente al control, pero aumenta las observaciones dentro del nido con respecto a este. Esta conducta sugiere que el rayadito puede reconocer a un depredador nocturno como *D. gliroides*, a pesar de no demostrar una defensa del nido muy activa.

(ICM-P05-002, CONICYT AT24060066, FONDECYT 1060186).

### VARIACIÓN ESPACIAL LATITUDINAL DE LA MACROFAUNA ASOCIADA A SUSTRATOS BIOLÓGICOS (*Spatial latitudinal variation of the associated macrofauna to biological substrata*).

Sepúlveda, R.D. y Moreno, C.A.

Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile.

Los sustratos biológicos marinos son formados por invertebrados o algas que generan sustrato secundario para otras especies que los utilizan para alimentarse o refugiarse. Este trabajo tiene como objetivo determinar la variabilidad espacial de la fauna asociada a *Aulacomya ater* en un gradiente latitudinal para determinar si los procesos biológicos intrínsecos a los mantos (longitud, biomasa y abundancia) son importantes en estructurar la comunidad asociada. Tres cuadrantes de 400 cm<sup>2</sup> fueron muestreados en siete localidades de la costa Pacífica Suroriental. Los resultados mostraron que *A. ater* fue fuertemente explotado entre los 28°S y 33°S, por lo que no fue posible obtener muestras en estos sitios; en los demás, la longitud promedio y la abundancia de los mitílidos aumenta y disminuye de norte a sur, respectivamente. Tanto los atributos comunitarios como la abundancia de los grupos más abundantes mostraron diferencias entre localidades, pero no mostraron un patrón claro a lo largo del gradiente. Particularmente, las estructuras comunitarias de las localidades del sur (Valdivia y Melinka) difieren de las localidades del norte y entre sí, formando dos grandes áreas de distribución geográfica. Los atributos intrínsecos a los mantos de *A. ater* no parecen tener influencia sobre la estructuración de las comunidades asociadas a estos microhábitats, por lo que es posible que otros procesos biológicos de gran escala, estén determinando la distribución latitudinal de la macrofauna asociada en el gradiente del Pacífico sur oriental.

Agradecimientos: DID-UACH 01-2006.

### LA “ZONA CREPUSCULAR” DE LOS EFECTOS DE EL NIÑO EN COMUNIDADES MARINAS LITORALES (*The “twilight zone” of El Niño effects on littoral marine communities*).

Camus, P.A.

Facultad de Ciencias, Universidad Católica Santísima Concepción.

En las últimas décadas, la variación térmica interanual de la superficie del mar ha sido vinculada a la ocurrencia de impactos ecológicos en comunidades litorales del Pacífico oriental, especialmente durante eventos El Niño. Sin embargo, la información actualmente disponible sugiere que la frecuencia y magnitud de estos efectos es altamente variable entre eventos de similar o distinta intensidad, y

también que algunos efectos pueden quedar enmascarados en, o ser confundidos con, aspectos dinámicos normales del sistema. Este trabajo analiza la variación en atributos ecológicos relevantes de cuatro comunidades intermareales de Chile norte distribuidas en 1.000 km de costa, cuya diversidad y estructura han sido evaluadas estacionalmente desde invierno 2004. En este lapso las comunidades experimentaron dos eventos El Niño débiles además de otras anomalías térmicas positivas y negativas, permitiendo constatar la ausencia de algunos efectos esperados de El Niño, la presencia de efectos que no pueden observarse o registrarse directamente, y la ocurrencia de eventos muy similares a El Niño pero de distinto origen, naturaleza y temporalidad. Sobre esta base se discute el rol modulador ejercido por las características de la costa sobre la variación física, la relación entre resistencia y redundancia funcional de las comunidades ante esta variación, y el problemático concepto de “normalidad” del sistema en ausencia de El Niño.

Agradecimientos: FONDECYT 1040425, FONDAP 1501-0001.

### DIFERENCIACIÓN FILOGEOGRÁFICA EN *BUFO ATACAMENSIS* (ANURA, BUFONIDAE) (*Phylogeographic differentiation in Bufo atacamensis* (Anura, Bufonidae)).

Correa, C.<sup>1, 2</sup>, Sallaberry, M.<sup>2</sup>, Veloso, A.<sup>2</sup> y Méndez, M.A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratorio de Genómica Evolutiva, INTA. <sup>2</sup> Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

*Bufo atacamensis* es una especie endémica que se distribuye entre los 25° y 32° S. Su distribución está constituida por poblaciones alopátricas que son remplazadas hacia el sur de los 32° S por las de su especie hermana *B. chilensis*. Se ha descrito una alta variación morfológica entre las poblaciones de *B. atacamensis*, particularmente para las del desierto de Atacama. Para establecer si existen niveles similares de diferenciación genética y estructuración filogeográfica, se analizó la variación de la región control del DNA mitocondrial. Se estudiaron 50 individuos de 14 poblaciones que incluyen los límites norte y sur conocidos para esta especie. Se realizaron análisis filogenéticos y de redes para evaluar la estructura filogeográfica, mientras que los niveles de diferenciación genética poblacional fueron cuantificados por medio de un AMOVA. Los resultados muestran escasa estructuración filogeográfica, con una alta variación intrapoblacional asociada a la presencia de haplotipos no relacionados dentro de la mayoría de las poblaciones. Por otra parte, un muestreo que incluyó poblaciones de *B. chilensis*, indica que en la localidad de Puente Pupío coexisten individuos con secuencias mitocondriales de *B. atacamensis* o *B. chilensis* debido posiblemente a un contacto secundario entre estas dos especies.

Beca CONICYT, C. Correa; Proyecto FONDECYT 1061256.

**INICIO DIFERIDO DE LA SEPARACIÓN ENTRE LA FAUNA MARINA BENTÓNICA DE ANTÁRTICA Y SUDAMÉRICA: IMPORTANCIA DE LA CAPACIDAD DE DISPERSIÓN (Differed initiation of antarctic and south american marine benthic fauna separation: importance of dispersal capacity).**

Díaz, A.<sup>1</sup>, Feral, J.P.<sup>2</sup> y Poulin, E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. <sup>2</sup> Estación Marine d'Endoume, Rue de la Batterie des Lions, 13007 Marseille, France.

La Antártica representa a uno de los ecosistemas marinos más aislados del planeta como resultado de la instalación de tres barreras: Geográfica, Batimétrica y Oceanográfica. Luego de su separación con Sudamérica (~30 Ma). Sin embargo, la instalación progresiva de estas barreras combinado con las diferentes capacidades de dispersión de los invertebrados marinos, podría haber generado variaciones importantes en el momento de inicio de la separación y en los tiempos de divergencia para géneros caracterizados por historias de vida contrastantes.

Para determinar el tiempo de último contacto entre las faunas marinas de Antártica y Sudamérica, se estimó la divergencia molecular entre especies congénéricas de equinodermos con distintas capacidades de dispersión: *Sterechinus* (larva planctotrófica) y *Abatus* (incubación), géneros presentes en ambos continentes. Del análisis de la región COI del mtDNA, el tiempo de divergencia inferido para cada género indica que el proceso de vicarianza fue impulsado por distintas barreras. En el caso del género incubante *Abatus*, el inicio estimado de la divergencia es de 17 Ma atrás y se encuentra más relacionado con la apertura del Paso de Drake. En cuanto al género de libre dispersión *Sterechinus*, la divergencia comienza mucho más tarde, alrededor de 5 Ma atrás, probablemente debido a la formación definitiva de la Corriente Circumantártica.

Agradecimientos: Proyectos INACH 13-05 y P05-002 ICM.

**CONECTIVIDAD ENTRE LAS POBLACIONES DE *CONCHOLEPAS CONCHOLEPAS*: UNA COMPARACIÓN ENTRE FIORDOS PATAGÓNICOS Y LA COSTA ABIERTA DEL SUR DE CHILE (Population connectivity in *Concholepas concholepas*: a comparison between the patagonian fjords and south-central open coasts).**

Cárdenas, L.<sup>1,2</sup>, Castilla, J.C.<sup>1,2</sup> y Viard, F.<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire International Associé 'Dispersal and Adaptation of Marine Species' (LIA DIAMS). <sup>2</sup> Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad (CASEB), Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica, Chile. <sup>3</sup> Equipe Evolution et Génétique des Populations Marines UMR 7144 CNRS-Université Pierre et Marie Curie, Station Biologique Roscoff, France.

Estudios en los fiordos chilenos sugieren que la larva del gastrópodo *C. concholepas* podría durar entre 6-12 meses en la columna de agua. La influencia de esta extendida duración larval sobre la conectividad (flujo genético) es desconocida. En este trabajo se compara la estructura genética de *C. concholepas* en dos regiones vecinas pero con contrastantes características físicas: Fiordos (entre 44° y 49° S) versus costa abierta del centro-sur de Chile (entre 41° y 39° S). El análisis de la estructura genética muestra que los sitios de los fiordos son genéticamente diferenciados de la costa abierta sugiriendo bajos niveles de flujo genético entre ambas áreas. Se observa además una significativa disminución de la riqueza alélica con aumento de la latitud y diferencias significativas en diversidad genética entre las dos zonas estudiadas (fiordos y costa abierta). Este resultado sugiere diferentes historias y/o dinámicas poblacionales actuales en las áreas de estudio. Este esquema es compatible con una pérdida de alelos raros durante la recolonización de los fiordos después del último máximo glacial y/o una actual estructura de metapoblaciones con dinámicas de colonización extinción específicas para los fiordos. Este estudio concluye que *C. concholepas* se caracteriza por altos niveles de diversidad genética y que no puede ser considerada una sola unidad panmictica a los largo de su rango geográfico.

Conicyt AT 24050101, ECOS N°C03B04, L'Oreal-Unesco "for Woman in Science".

## ECOLOGÍA II

### BIOENERGÉTICA DEL ÚLTIMO REPRESENTANTE DE LA FAMILIA MICROBIOTHERIDAE: EL MONITO DEL MONTE Y CARACTERIZACIÓN DEL SOPOR.

Cortés, P.A.<sup>1</sup> y Nespolo, R.F.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad Austral de Chile.

*Dromiciops gliroides*, conocido como monito del monte, es un marsupial endémico considerado un “fósil viviente”, que habita en el bosque templado de la porción sur de Sudamérica. Al igual que una gran cantidad de endotermos-heterotermos, esta especie recurre al sopor como estrategia para enfrentarse al ambiente térmicamente fluctuante en el cual se desenvuelve. La mayoría de los marsupiales que incurren en heterotermia facultativa dispondrían de uno de los dos patrones de sopor que se conocen, sopor prolongado (Hibernación) o sopor diario, los cuales varían respecto a su duración y profundidad, medido a través de las temperaturas corporales mínimas y la tasa metabólica. Sin embargo, no está claro si *D. gliroides* incurre en sopor diario o hibernación verdadera. Mediante una aproximación integrativa, estudiamos la duración y profundidad del sopor de *D. gliroides*, y los factores ambientales que lo inducen registrando la tasa metabólica durante períodos de entre 3 y 72 horas a través de registros de VCO<sub>2</sub> y VO<sub>2</sub>, registrando simultáneamente la actividad e implantando sensores de temperatura intraperitoneales durante 20 días. Nuestros resultados preliminares muestran períodos de caídas en sopor dependientes de las condiciones de alimentación y temperatura inmediatas, sugiriendo que esta especie no utiliza hibernación. Sin embargo, estos períodos de sopor pueden prolongarse notablemente más que lo descrito para otros endotermos que exhiben sopor facultativo.

Agradecimientos: Anillos ACT-38.

### EFFECTO DE LA ESTRUCTURA VEGETACIONAL Y DE LA OFERTA DE FRUTOS EN LA FRUGIVORÍA POR ROEDORES EN *GAULTHERIA MUCRONATA* (ERICACEAE) Y *MYRTEOLA NUMMULARIA* (MYRTACEAE) EN MICROHÁBITATS DE MATORRALES SECUNDARIOS DE CHILOÉ (41°50'S), CHILE (Effect of vegetation structure and fruits supply in the frugivory by rodents in *Gaultheria mucronata* (Ericaceae) and *Myrteola nummularia* (Myrtaceae) in microhabitats of secondary scrubs of Chiloé (41°50'S), Chile).

Quilodrán, C.<sup>1</sup>, Pernollet, C.<sup>2</sup>, Bustamante-Sánchez, M.A.<sup>3</sup>, Armesto y J.J.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Departamento Ciencias. Ambientales y Recursos Naturales Renovables. Universidad de Chile. claudio\_quilodran@hotmail.com. <sup>2</sup> Ecole Supérieure Agronomique Rennes, Francia. <sup>3</sup> IEB, Universidad de Chile. <sup>4</sup> CASEB, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Se evalúa si la estructura vegetal y oferta de frutos determinan uso de hábitat de roedores y su consumo de frutos de *Gaultheria mucronata* y *Myrteola nummularia*. Utilizando mallas de exclusión se verificó hábitos frugívoros y magnitud del consumo; parcelas de muestreo para estimar estructura vegetal y oferta frutal; captura-marcaje-recaptura para establecer uso de hábitat y abundancia de roedores; con modelos de ecuaciones estructurales (SEM) se identificaron efectos directos e indirectos. *Oligoryzomys longicaudatus*, *Abrothrix olivaceus* y *Abrothrix sanborni* resultaron los roedores más abundantes. Incrementaron actividad en lugares con preponderancia de helechos y arbustos, la disminuyeron con mayor influencia herbácea. Los roedores fueron activos consumidores de frutos, prefiriendo *M.nummularia*. Se estableció efecto directo de la estructura vegetal sobre uso de hábitat, e indirecto en consumo de frutos. No se evidenció que influyera la oferta de frutos, aunque esta también resultó determinada por la estructura vegetal. Se demuestra que estos roedores tienen preferencias por determinados frutos y reconocen diferencias de calidad entre parches vegetacionales disponibles, es decir, seleccionan qué y dónde comer.

**PATRONES DE DISTRIBUCIÓN DE LA BIOTA PELÁGICA DE AGUAS DULCES CHILENAS (Distributional patterns of Chilean freshwater pelagic biota).**

Oyanedel, J.P., Vega-Retter, C., Scott, S., Hinojosa, L.F. y Ramos-Jiliberto, R.

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

En Chile, los estudios Limnológicos acumulados a la fecha han descrito la composición de especies en sitios puntuales. En este trabajo recopilamos los datos de distribución de la biota pelágica de las aguas dulces de Chile, con el objeto de determinar patrones regionales de distribución mediante la identificación de zonas de endemismo y posibles asociaciones estadísticas con las variables ambientales disponibles.

Se analizaron los siguientes grupos: Fitoplancton y Zooplancton total, Chlorophyceae, Cyanophyceae, Bacillariophyceae, Cladocera, Copepoda, Rotífera y Peces. La asociación de estas taxa con las variables ambientales es mediante un análisis de correspondencia canónica y las áreas de endemismo se construyen a partir de análisis de endemismo por parsimonia (PAE). Estos análisis se realizan considerando tanto lagos como cuencas como unidades geográficas.

El zooplancton total, Copepoda y Rotífera en lagos y cuencas; y peces en cuencas presentan asociación significativa con gradientes ambientales, siendo la latitud, superficie y la altitud las variables más relevantes. Se encontraron cuatro áreas de endemismo para peces, tres para Copepoda, dos para Rotífera, Bacillariophyceae, Chlorophyceae y una para Cladocera, Cyanophyceae. Los patrones diferenciales de distribución entre los grupos pueden explicarse por la vagilidad relativa de los taxa, y su consecuencia sobre los procesos de dispersión y vicarianza.

Financiamiento parcial: proyecto ACT34/2006.

**RELACIÓN DE LA VARIACIÓN ONTOGÉNICA EN EL REQUERIMIENTO LUMÍNICO DE TRECE ESPECIES DEL BOSQUE SIEMPREVERDE CON EL PERÍODO DE VIDA FOLIAR (Ontogenetic variation in light requirements of 13 rainforest evergreens is correlated with leaf lifespan).**

Lusk, C.H.<sup>1</sup>, Falster, D.S.<sup>1</sup> & Jara, C.K.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Department of Biological Sciences, Macquarie University, NSW 2109, Australia. <sup>2</sup> Instituto de Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

1. We postulated that, in evergreen forests, light requirements of shade-tolerant species that accumulate multiple foliage cohorts will be more stable during juvenile ontogeny than those of intolerant species with short leaf lifetimes.

2. We quantified the light environments occupied by three size classes of 13 coexisting evergreens in a temperate rainforest, to determine how size influenced their relative shade tolerance.

3. Agreement of ranks of species' minimum light requirements across size classes was significant, although not strong (Kendall's  $W = 0.159$ ,  $P = 0.02$ ). Minimum light requirements of the most shade-tolerant species changed little between size-classes, whereas those of most of the less-tolerant species rose with increasing size.

4. Percentage change in light requirements across size-classes was negatively correlated with leaf lifespan, likely because of the effects of leaf lifespan on biomass distribution and whole-plant carbon balance. Survival of light-demanding species with short leaf lifetimes may thus depend on their encountering increasing light levels as they grow taller, whereas progressive accumulation of an extensive leaf area by late-successional taxa enables them to continue to tolerate low light despite increasing size.

5. Results suggest that shade-tolerance differences between evergreens become increasingly apparent with increasing size.

Agradecimientos: Proyecto FONDECYT 1030811, Universidad Austral del Chile, DID y Beca Conicyt.



**CONSECUENCIAS SOBRE LA POLINIZACIÓN DE PLANTAS NATIVAS PROVOCADAS POR LA PRESENCIA DE LA PLANTA EXÓTICA *ECHIUM VULGARE* (BORAGINACEAE) (Consequences on pollination of native plants induced by presence of alien plant *E. vulgare*).**

**Carvalho, G.O.** y Medel, R.

Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile. E-mail: gcarvallob@gmail.com

Las especies exóticas son una amenaza a la biodiversidad por las modificaciones que generan en las relaciones entre los organismos que habitan una localidad, aunque dichos efectos han sido escasamente estudiados. En este trabajo se comparó la estructura de las relaciones planta-polinizador (redes de interacción) entre sitios invadidos (EV<sup>+</sup>) y no invadidos (EV<sup>-</sup>) por la planta exótica *Echium vulgare* (Boraginaceae) en la localidad de Termas de Chillán (36°54'34''S 71°24'46'' 1.834 msnm) y se cuantificaron los efectos en riqueza, diversidad y número de visitas de polinizadores, así como el éxito reproductivo sobre las especies herbáceas *Alstroemeria ligtu* (Amarillidaceae), *Phacelia secunda* (Hydrophilaceae), *Schizanthus hookeri* (Solanaceae) y *Stachys albicaulis* (Lamiaceae) comparando entre las condiciones EV<sup>+</sup> y EV<sup>-</sup>. Se monitoreó la polinización sobre transectos de 10 x 2m en 11 sitios (7 EV<sup>+</sup> y 4 EV<sup>-</sup>). En sitios EV<sup>+</sup> se identificaron 26 potenciales polinizadores correspondientes a los órdenes Coleóptera (11,5%), Díptera (23,1%), Himenóptera (46,2%) y Lepidóptera (19,2%) disminuyendo a 15 especies en los sitios EV<sup>-</sup> (Coleóptera: 20,0%, Díptera: 26,7%, Himenóptera: 46,7% y Lepidóptera: 6,6%). El número de interacciones entre planta-polinizadores fue mayor para los sitios EV<sup>+</sup> aunque la riqueza de polinizadores no presentó diferencias entre sitios EV<sup>+</sup> y EV<sup>-</sup> para las plantas estudiadas. Los resultados de este estudio evidencian cambios en el número de visitas que reciben las plantas aunque estas diferencias no se traducen en variabilidad en el éxito reproductivo.

Agradecimientos: Proyecto Anillo ACT 34/2006.

**PATRONES DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN PECES CON DIFERENTES HISTORIAS DE VIDA EN UN RÍO DEL SUR DE CHILE (Patterns of genetic variation in fishes with different life histories in a river of Southern Chile).**

**Victoriano, P.**<sup>1</sup>, Olmos, V.<sup>1</sup>, Jara, A.<sup>1</sup>, Inzunza, B.<sup>2</sup>, Montoya, R.<sup>2</sup> y Habit, E.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Zoología. Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción.

<sup>2</sup> Departamento de Biología Celular. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. <sup>3</sup> Centro Eula-Chile. Universidad de Concepción.

Un aspecto de interés en un contexto microevolutivo es analizar los patrones de variación genética en especies codistribuidas con historias de vida contrastantes, lo cual puede asociarse, entre otros aspectos, a diferencias en los niveles de flujo génico y deriva génica. Nosotros evaluamos los patrones espaciales de diversidad genética y las relaciones de parentesco de haplotipos en 7 especies de peces nativos del río San Pedro (Región de Los Ríos, Chile), mediante secuencias de la región de control (*Basilichthys australis*, *Odonthesthes mauleanum*, *Diplomystes camposensis*, *Galaxias maculatus*, *G. platei*, *Percilia gillissi*, y *Percichthys trucha*). Los resultados muestran niveles contrastantes de estructuración y de diversidad tanto haplotípica como nucleotídica. La especie más variable y a su vez más estructurada es *G. maculatus* con un patrón acorde con la existencia de al menos dos poblaciones a lo largo del río: una no migratoria y de reproducción dulceacuícola (*landlocked*) y otra anádroma. Lo opuesto se visualizó en la especie *D. camposensis*, la cual se comporta como una única población y con niveles de variabilidad bajos que sugieren un evento de cuello de botella relativamente reciente.

Financiado por Colbún S.A. y DIUC 205.113.067-1sp.

## FISIOLOGÍA II

**CANALES DEPENDIENTES DE LUZ TRP Y TRPL REGISTRADOS EN RABDOMERO DE FOTORRECEPTORES DE *DROSOPHILA* (The TRP and TRPL light-dependent channels recorded from the rhabdomere of *Drosophila* photoreceptors).**

**Delgado, R. & Bacigalupo, J.**

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias y Instituto Milenio de Dinámica Celular y Biotecnología, Universidad de Chile.

*Drosophila* phototransduction occurs in the microvilli of the photoreceptor rhabdomere. The TRP and TRPL light-dependent channels have been extensively studied by whole-cell recording, but have not been recorded yet in their native membrane because the rhabdomere is inaccessible to a patch-clamp electrode. We developed a procedure that exposed the rhabdomere, making them amenable to patch-clamp recording. In inside-out patches we identified two different channels. One of them of ~72 pS conductance (under 0-divalents),  $Ca^{2+}/Na^{+} = 100/1$  selectivity and blockable by divalent cations and  $La^{3+}$ , closely resembling the TRP-dependent current. The other has ~70 pS, is cationic unselective and insensitive to divalents and  $La^{3+}$ , like the TRPL-dependent current. On the other hand, the agonist that gates the light-dependent channels is unknown, being the phosphoinositides the main agonist candidates. We tested the effects of Diacylglycerol (DAG), arachidonic acid (AAc) or linolenic acid (LNA) directly on the excised patches, and found that all three were capable of gating the channels. We do not know which of them is the physiological TRP and TRPL agonist. Based on their properties and location, we propose the recorded channels correspond to TRP and TRPL.

Supported by Fondecyt 1040772 (RD); P. Anillos ACT-45, CONICYT; MIDEPLAN ICM-P05-001-F. Guggenheim Fellowship (JB).

**NON-EXCLUSIVE SEGREGATION OF VOMERONASAL GLOMERULI IN THE MALAGASY TENREC *ECHINOPS TELFAIRI* (AFROTHERIA: AFROSORICIDA) (Segregación no exclusiva de glomérulos vomeronasales del tenrec malgache *Echinops telfairi* (Afrotheria: Afrosoricida)).**

**Suárez, R.<sup>1, 2</sup>, Villalón, A.<sup>1, 3</sup>, Künzle, H.<sup>4</sup> y Mpodozis, J.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> Escuela de postgrado, Facultad de Medicina. <sup>2</sup> Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. <sup>3</sup> Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Diego Portales. <sup>4</sup> Institute of Anatomy, Ludwig-Maximilians University, Munich. Germany.

Pheromonal communication and socio-sexual behaviours in mammals are deeply influenced by the vomeronasal system. Two distinct populations of sensory neurons at the vomeronasal organ send segregated projections to glomerular neuropil at the accessory olfactory bulb (AOB). Neurons expressing G-alpha i protein subunit project to the rostral zone of the AOB, while those expressing G-alpha o subunit project to the caudal AOB.

We previously reported that the AOB of the tenrec *Echinops telfairi* (Afrotheria: Afrosoricida) possesses segregated afferences into rostral and caudal domains, as well as a modest stratification of cellular layers. Now we assessed the glomerular topology at the AOB employing double fluorescent immunolabelling against G-alpha i and G-alpha o, observing individual glomeruli.

We found that the segregation of vomeronasal glomeruli, although robust, is not exclusive, as described in other mammals such as opossums and rodents. Instead, we found that some individual glomeruli from each zone projected into the adjacent domain, suggesting an interwoven neuronal connectivity that may resemble an ancient condition for the exclusive segregation observed in other mammalian lineages.

Fondecyt 1030522-1061108 (J.M.), Mecesup UCH-0306 (R.S.), Conicyt (A.V.), and Deutsche Forschungsgemeinschaft grant Ku 624/3-3 (H.K.)

## ORGANIZACIÓN TEMPORAL DEL SUEÑO DE MOVIMIENTOS OCULARES RÁPIDOS (MOR) EN UN MODELO ANIMAL DE NARCOLEPSIA (Temporal organization of Rapid Eye Movement (REM) Sleep in an animal model of narcolepsy).

Ocampo-Garcés, A.<sup>1</sup>, Ibáñez, F.<sup>1</sup>, López, S.<sup>1</sup>, Brunetti, E.<sup>1</sup>, Ramírez, M.<sup>1</sup>, Torrealba, F.<sup>2</sup> y Vivaldi, E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Programa de Fisiología y Biofísica, ICBM, Facultad de Medicina Universidad de Chile. <sup>2</sup> Departamento de Fisiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

La narcolepsia humana es un trastorno específico del sueño provocado por la destrucción de las neuronas orexinérgicas del hipotálamo lateral. En la rata sometida a un ciclo luz-oscuridad=12:12 (CLO12:12), la lesión neurotóxica de las neuronas orexinérgicas produce un síndrome que incluye el desplazamiento de la predilección horaria del sueño MOR hacia la fase de oscuridad. Estudiamos la arquitectura de sueño de la rata lesionada en el hipotálamo lateral bajo un régimen de fotoperíodo de esqueleto (FE). Ratas macho fueron inyectadas bilateralmente en el hipotálamo lateral mediante el neurotóxico saponina-orexinaB (200 ng) o solución salina (control). Las ratas crónicamente implantadas para registro polisomnográfico fueron registradas durante tres días en condiciones CLO12:12 (encendido de la luz a las 8:00), y luego durante tres días en FE (pulsos de 20 minutos de luz aplicados en la hora correspondiente al encendido y apagado de la luz en CLO12:12). Los estados de sueño fueron identificados mediante inspección visual del polisomnograma. Las lesiones fueron evaluadas mediante inmunohistoquímica. En condiciones CLO12:12, las ratas con lesión de más del 50% de las neuronas orexinérgicas concentraron el sueño MOR en la fase de oscuridad (61% del total diario) en contraste las ratas control (33% del total). En condiciones FE, las ratas control no modificaron el perfil temporal del sueño MOR, en tanto que la lesionadas aumentaron en un 60% la expresión de sueño MOR en la fase de reposo (intervalo 8:00 a 20 horas). Las neuronas orexinérgicas impiden el enmascaramiento del ciclo sueño-vigilia por parte del fotoperíodo.

Fondecyt 1061089.

## CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DEL SITIO DE UNIÓN A LPS EN EL RECEPTOR P2X7 (Functional characterization of LPS binding site on P2X7 receptor).

Leiva-Salcedo, E., Rodríguez-Tirado, F.<sup>1</sup>, Penna, A.<sup>2</sup>, Jiménez, M., Imarai, M.<sup>1</sup>, Morales, B.<sup>1</sup>, Coddou, C.<sup>3</sup>, Lorca, R., Neira, T., Huidobro-Toro, J.P.<sup>3</sup>, Acuña-Castillo C.<sup>1</sup> y Stutzin, A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Universidad de Santiago de Chile. <sup>2</sup> CEMC & ICBM, Facultad de Medicina Universidad de Chile. <sup>3</sup> P. Universidad Católica de Chile.

**Objetivo:** El receptor de ATP P2X7 presenta un sitio de unión a lipopolisacárido (LPS) posiblemente funcional, se

postula que en células que expresan el receptor TLR4, la unión de LPS a P2X7 activaría la vía ERK y/o modularía su corriente. Nosotros evaluamos si en ausencia de TLR4, LPS actúa como un agonista para el receptor P2X7

**Metodología:** Células HEK293 que expresan de manera estable el receptor P2X7 fueron expuestas a LPS y/o ATP y se evaluó el efecto sobre la activación de vías transduccionales río abajo de este mediante la técnica de western blot y la activación de la corriente del canal mediante la técnica de *patch clamp* en configuración de célula completa.

**Resultados:** ATP induce activación de la vía ERK en las células HEK-P2X7 en forma tiempo y dosis dependiente, efecto que no es observado en células HEK parentales. A su vez LPS no activa la vía ERK ni modula su activación en las condiciones estudiadas. LPS no activa la corriente del canal ni modula su activación por ATP.

**Conclusión:** Los resultados sugieren que el sitio de unión para LPS del receptor P2X7 no es funcional en ausencia del receptor TLR4.

## EXPRESIÓN DE TLR4 EN EL CUERPO CAROTÍDEO Y EL COMPLEJO GANGLIONAR PETROSO-YUGULAR-NODOSO DE LA RATA: UNA NUEVA VÍA DE ACTIVACIÓN DEL SISTEMA NERVIOSO CENTRAL POR LIPOPOLISACÁRIDO (TLR4 expression in rat carotid body and nodose-petrosal-jugular ganglion complex: a novel afferent pathway for LPS-induced central nervous system activation).

Fernández, R., Simon, F., Becerra, A., Álvarez, P., Squicciarini, V. y Díaz, M.J.

Laboratorio de Fisiología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello. Santiago, Chile.

La activación de las neuronas aferentes vagales, cuya proyección central se encuentra en el núcleo del tracto solitario (NTS), es importante en la transmisión de señales periféricas generadas por células del sistema inmune hacia el sistema nervioso central (SNC). Sin embargo, la bivaotomía subdiafragmática no inhibe la activación las neuronas del NTS, ni los efectos neurales inducidos por la administración periférica de lipopolisacárido (LPS), por lo que no se descarta la participación de alguna otra vía aferente en esta excitación. El cuerpo carotídeo (CC) recibe inervación sensorial desde el nervio carotídeo, cuya proyección central se encuentra en el NTS. El LPS ejerce su efecto mediante el receptor tipo Toll-4 (TLR4), cuya expresión se desconoce en los quimiorreceptores arteriales. Mediante RT-PCR determinamos que tanto el CC como el complejo ganglionar petroso-yugular-nodoso (cgPYN) obtenidos de ratas anestesiadas con pentobarbitona (60 mg/kg I.P.) expresan el mRNA de TLR4. En cultivos primarios de CC y cgPYN obtuvimos inmunoreactividad positiva para TLR4. Estos resultados sugieren que los quimiorreceptores arteriales pueden ser una nueva vía de activación del SNC inducida por el LPS.

Financiamiento: UNAB DI 02-06/R(RF) y 03-06/R(FS).

### **HISTAMINA: NUEVO MODULADOR DE LA ACTIVIDAD QUIMIOSENSORIAL CAROTÍDEA (Histamine is a new modulator of the carotid chemosensory activity).**

**Del Río, R.,** Moya, E.\* , Alcayaga, J. e Iturriaga, R.

Laboratorio Neurobiología, Pontificia Universidad Católica de Chile y \* Laboratorio Fisiología Celular, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

En respuesta a la hipoxia, las células glómicas del cuerpo carotídeo (CC) liberan transmisores que excitan a las neuronas petrosas que las inervan. Sin embargo, las células glómicas liberan otras moléculas que no excitan a las neuronas sensoriales, pero que modulan la quimiorrecepción. La histamina (HA), presente en las células glómicas, podría ser un modulador. En CCs y ganglios petrosos, extraídos de gatos anestesiados, superfundidos in vitro, estudiamos los efectos de HA y el bloqueo farmacológico de receptores H1, H2 y H3, sobre la frecuencia de descarga del nervio carotídeo ( $f_{CN}$ ). En los CCs la HA produjo un aumento dosis-dependiente de  $f_{CN}$ , pero no tuvo efecto en los ganglios petrosos. El bloqueo de receptores H1 con pylrilamina 500 nM redujo en 60% las respuestas inducidas por HA, mientras que el bloqueo de receptores H2 con cimetidina 50  $\mu$ M o ranitidina 100  $\mu$ M no las modificó. El bloqueo de receptores H3 con thioperamida 30  $\mu$ M potenció los efectos excitatorios de HA. Los resultados sugieren que HA sería un modulador presináptico de la actividad quimiosensorial, actuando principalmente a través de activación de receptores H1. La respuesta excitatoria de HA no depende de la activación de receptores H2 y el receptor H3 sería un autorreceptor inhibitorio en el CC.

Financiamiento FONDECYT 1070584.

### **LA VÍA DE SEÑALIZACIÓN WNT MODULA LA EXPRESIÓN DE GABAA-R EN LA SUPERFICIE NEURONAL (The Wnt signalling pathway modulates the GABAA-R expression in the neuronal surface).**

**Cuitino, L.,** Godoy, J.A. e Inestrosa, N.C.

Centro de Regulación y Patología "Joaquín V. Luco" (CRCP), MIFAB, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile

GABA es el principal neurotransmisor inhibitorio en el sistema nervioso central de vertebrados. Los receptores para GABA se clasifican en 3 grupos: tipo(A), tipo(B) y tipo(C), expresándose el tipo(C) casi exclusivamente en la

retina. La vía *Wnt* cumple funciones importantes en el mantenimiento del SNC, modulando la función sináptica. Por esto, nos propusimos el efecto modulador que esta vía ejerce sobre la expresión del receptor de GABA. Se utilizaron cultivos de neuronas hipocámpales (21 DIV) y se evaluó el efecto de los ligandos *Wnt* sobre la expresión en la superficie neuronal de GABA-R. El ligando no canónico *Wnt5a* es capaz de aumentar la exocitosis e inserción del GABAA-R, de manera dependiente del tiempo, sin afectar la expresión de GABAB-R, este efecto es específico ya que es bloqueado por *sFRP*. Los resultados podrían explicarse como un aumento en el reciclaje del receptor, aumentando la interacción con proteínas tales como AP2, GABARAP y Gefirina. Es importante estudiar cómo la vía de señalización *Wnt* regula el número de receptores en la superficie neuronal.

Financiado por FONDAF N°13980001, MIFAB y Beca Predoctoral CONICYT (L. C.).

### **POTENCIACIÓN DE LA TRANSMISIÓN SINÁPTICA POR ASTROCITOS (Astrocytes potentiate transmitter release at single hippocampal synapses)**

**Perea, G. y Araque, A.**

Instituto Cajal, CSIC, Madrid, España.

El estudio de la comunicación entre neuronas y astrocitos ha demostrado que los astrocitos responden a la actividad sináptica y modulan la transmisión sináptica y la excitabilidad neuronal. Sin embargo, se desconoce cuál es el efecto modulador de los astrocitos sobre una única sinapsis. Hemos investigado las consecuencias de la actividad astrocitaria sobre la transmisión sináptica de una única sinapsis en rodajas de hipocampo de rata, usando técnicas electrofisiológicas y de imagen de  $Ca^{2+}$ .

Hemos encontrado que: el aumento de  $Ca^{2+}$  en astrocitos aumenta transitoriamente la eficacia sináptica debida a un aumento de la probabilidad de liberación de neurotransmisor, sin afectar a la amplitud de las corrientes sinápticas. Esta potenciación a corto plazo es debida a la liberación dependiente de  $Ca^{2+}$  y de proteínas SNARE de glutamato por astrocitos y, a la activación de receptores metabotrópicos de glutamato de tipo I.

Además, la coincidencia de la actividad astrocitaria y la despolarización postsináptica conduce a la potenciación de larga duración de la transmisión sináptica. Concluimos que los astrocitos son capaces de potenciar la transmisión sináptica, pudiendo jugar un papel activo en la transferencia de información en el Sistema Nervioso.

Financiado por MEC (BFU2004-0448), CAM (200620M083) a A.A.

## BIOLOGÍA EVOLUTIVA II

### EVOLUCIÓN DE RASGOS ASOCIADOS AL HÁBITAT DE LOS PULPOS DE LA FAMILIA OCTOPODIDAE (evolution of characteristics associated to the habitat of octopuses from the family Octopodidae).

Ibáñez, C.M., Pardo-Gandarillas, M.C. y Poulin, E.

Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile.

Los pulpos de la familia Octopodidae habitan desde la zona intermareal hasta profundidades superiores a los 4.000 m. Las especies que habitan a grandes profundidades poseen modificaciones a estos ambientes. Se obtuvieron secuencias del gen mitocondrial 16S de cuatro especies de Chile mediante técnicas convencionales y 22 secuencias desde Genbank. Para reconstruir la evolución dos rasgos discretos y dos continuos, relacionados al tipo de hábitat de los pulpos, se construyeron 1.078 árboles filogenéticos por inferencia Bayesiana. Los árboles filogenéticos fueron muestreados usando MCMC para estimar las tasas de ganancia y pérdida de cada rasgo discreto durante la evolución. Los resultados muestran que el número de filas de ventosas ha evolucionado independientemente, mientras que hubo una mayor probabilidad que el ancestro presentara saco de la tinta. El número de laminillas branquiales está correlacionado con la profundidad en que habitan y la evolución de estos rasgos se ajusta mejor a un modelo Browniano. Según los valores de los parámetros calculados estos caracteres habría evolucionando de manera puntuada. La evolución de los caracteres al parecer estaría asociada a las condiciones oceanográficas de cada hábitat y los pulpos habrían evolucionado en respuesta a los grandes cambios del pasado.

Agradecimientos: Corporación IEB (P05-002 ICM), CONICYT 21061195.

### VARIACIÓN MORFOLÓGICA Y ONTOGENÉTICA EN POBLACIONES DE BUFO SPINULOSUS WIEGMANN, 1835 (ANURA: BUFONIDAE) EN CHILE (Morphological and ontogenetic variation in populations of *Bufo spinulosus* (Anura, Bufonidae) in Chile).

Soto, E.R.<sup>1</sup>, Veloso, A.<sup>1</sup>, Sallaberry, M.<sup>1</sup> y Méndez, M.A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias. <sup>2</sup> Laboratorio Genómica Evolutiva, INTA, Universidad de Chile.

*Bufo spinulosus* Wiegmann, 1835 (Anura: Bufonidae) es una especie que presenta una amplia distribución geográfica. En Chile, esta especie se distribuye desde los

18°S hasta los 33°S, presentando poblaciones disjuntas que habitan en ambientes contrastantes.

Se realizó un análisis de la variación en la forma de la cabeza (vista dorsal y lateral) mediante morfometría geométrica (vista dorsal y lateral, seis landmark) en individuos postmetamórficos, juveniles y adultos provenientes de las poblaciones de El Tatio, Vilama y Farellones.

Los resultados mostraron diferencias, principalmente entre los individuos de El Tatio en comparación a los de las poblaciones de Farellones y Vilama. Los cambios más pronunciados se observaron desde postmetamórfico a juvenil en la población de Farellones, mientras que en El Tatio estos se observan entre los estadios juvenil y adulto.

Se discute la relación que existe entre la variación morfológica observada, el ambiente térmico y los hábitos de los individuos de cada población, considerando que los individuos de El Tatio están asociados a un ambiente acuático constante en todos los estadios, contrastando con Vilama y Farellones donde los individuos juveniles y adultos presentan hábitos claramente terrestres.

FONDECYT 1061256/2006.

### VARIACIÓN FENOTÍPICA DE *DAPHNIA AMBIGUA* EN DOS LAGOS COSTEROS DE CHILE CENTRAL (Phenotypic variation of *Daphnia ambigua* in two coastal lakes of Chile).

Carter, M.J., Oyanedel, J.P., Véliz, D. y Ramos-Jiliberto, R.

Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile, Chile

El fenotipo de un individuo es el resultado de su arquitectura genética y del ambiente donde este se desarrolla. La ciclicidad reproductiva que caracteriza a los cladóceros como *Daphnia ambigua*, que consiste básicamente en prolongados periodos de reproducción partenogenética y puntuados eventos anuales de reproducción sexual, ejerce un fuerte impacto sobre la variabilidad intrapoblacional genética y fenotípica año tras año. Sin embargo el real impacto de esta dinámica sobre la estructura poblacional y su relevancia en el contexto ecológico actual es aún producto de controversia. En este trabajo realizamos una exploración fenotípica de rasgos morfológicos y de historia de vida, así como una cuantificación de la diversidad clonal de las poblaciones de *D. ambigua* que habitan los lagos El Plateado y Peñuelas. Nuestros resultados muestran que rasgos morfológicos como el tamaño corporal y la elongación de la espina caudal, así como rasgos de historia de vida como fertilidad y edad de la primera reproducción, varían entre clones y entre los lagos estudiados. Esta diversidad morfológica y de historias de vida probablemente se encuentra correlacionada con la alta variabilidad físico-química y ecológica de estos cuerpos de agua, pese a su cercanía geográfica.

**EVALUANDO LA INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE DE RASGOS FISIOLÓGICOS EN *SITOBION AVENAE* (Evaluating the genotype-environment interaction of physiological traits in *Sitobion avenae*).**

**Castañeda, L.E.**<sup>1</sup>, Fuentes-Contreras, E.<sup>2</sup>, Niemeyer, H.<sup>3</sup>, Figueroa, C.C.<sup>1</sup> y Nespolo, R.F.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad Austral de Chile. <sup>2</sup> Universidad de Talca. <sup>3</sup> Universidad de Chile.

La interacción genotipo-ambiente (GxE) promueve la mantención de la variación genética actuando como un buffer en ambientes heterogéneos bajo selección direccional. La ocurrencia de variación en las defensas químicas de las plantas podría producir esta heterogeneidad. Sin embargo, los insectos poseen enzimas detoxificadoras que contrarrestan estos efectos deletéreos. Los ácidos hidroxámicos (Hx) constituyen una de las principales defensas químicas de los cereales (familia Poaceae) siendo los áfidos uno de sus principales consumidores. Los áfidos poseen enzimas de detoxificación, y su expresión varía dependiendo de los niveles de las defensas. Para evaluar la existencia de GxE en áfidos, estudiamos los genotipos ecológicamente más exitosos del áfido del grano, *Sitobion avenae*, los cuales fueron mantenidos sobre tres cultivares de trigo con diferentes niveles de Hx. Luego, medimos la tasa metabólica y las actividades de las tres principales enzimas detoxificadoras. Encontramos GxE en una de las enzimas (oxidasa) y en el resto de los rasgos, encontramos diferencias entre genotipos. Aparentemente, estos tres genotipos han logrado su éxito ecológico gracias a dos "soluciones" funcionales: (1) plasticidad fenotípica en una enzima y bajos niveles de otras (bajos costos energéticos) (2) rigidez fenotípica y niveles constitutivamente altos de expresión enzimática (altos costos energéticos).

Financiamiento: CONICYT AT-2406132 y Anillos ACT-38.

**METABOLISMO ENERGÉTICO Y SOBREVIVENCIA: EVIDENCIA DE SELECCIÓN DIRECCIONAL SOBRE LA TASA METABÓLICA ESTÁNDAR EN EL CARACOL DE TIERRA *HELIX ASPERSA* (Energy metabolism and survival: Evidence of directional selection on standard metabolic rate in the garden snail, *Helix aspersa*).**

**Artacho, P.** y Nespolo, R.F.

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

En una población, individuos con diferentes valores fenotípicos pueden diferir en su sobrevivencia y/o fecundidad. Este fenómeno, conocido como selección fenotípica es reconocido como la causa primaria de evolución adaptativa en poblaciones naturales, y su impacto ha sido documentado numerosas veces durante los últimos 25 años. Sin embargo, hasta la fecha el 99% de los estudios en selección fenotípica se han realizado en rasgos morfológicos y de historia de vida. Se piensa que uno de los factores más determinantes de la supervivencia es la forma como los animales optimizan su presupuesto energético. Así, la minimización del gasto energético podría maximizar la adecuación biológica. La tasa metabólica estándar (TME) representa los costos mínimos en los que incurre un organismo ectotermo para cumplir sus funciones básicas. Usando como modelo al caracol de jardín, *Helix aspersa*, se realizó un experimento seminatural para cuantificar la magnitud de la selección fenotípica sobre la TME, y su relación con una medida de la adecuación biológica (sobrevivencia) en 186 individuos. Nuestros resultados indican que tanto el componente lineal (selección direccional) como el cuadrático (selección estabilizadora) fueron significativos. Esto representaría la primera evidencia de selección direccional hacia la reducción del metabolismo energético.

Agradecimientos: Mecesp, CONICYT, DID-UACH, ANILLO.

## EVOLUTION OF MATING SYSTEM IN THE FUCOID BROWN ALGAE AT MACRO AND MICRO-EVOLUTIONARY SCALES

Billard, E.<sup>1,2</sup>, Serrao, E.<sup>2</sup>, Neiva, J.<sup>1,2</sup>, Pearson, G.<sup>2</sup>, Destombe, Ch.<sup>1</sup> & Valero, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> EGPM, UMR AD2M CNRS/UPMC, Station Biologique de Roscoff, 29680 Roscoff, France. <sup>2</sup> CCMAR, CIMAR, Universidade do Algarve, Gambelas, 8005-139 Faro, Portugal.

In the *Fucus* genus, the character hermaphroditism/dioecy seems to have evolved several times by relatively simple mechanisms and species with contrasting reproductive systems are still capable of hybridization making it an excellent model to study evolution of mating systems at both macro and micro-evolutionary scales. This is especially true for *F. vesiculosus* and *F. spiralis* which remain undistinguishable with traditional phylogenetic markers. Both species are found in sympatry on most European coasts the hermaphroditic *F. spiralis* living higher on the shore than the dioecious *F. vesiculosus* and with hybrids occurring in the contact zone.

The first aim of this talk is to investigate the evolutionary history of mating systems in the family Fucaceae. We used a phylogenetic approach based on intergenic chloroplast sequences, in order to test the hypothesis that evolution proceeded in all cases always from hermaphroditism to dioecy, and to assess whether shifts in mating system might be correlated with major events such as dispersing between different oceans.

The second aim of this talk is to study the role of mating system on speciation/hybridization processes at a micro-evolutionary level in the species complex *F. vesiculosus/F. spiralis*. We analysed the pattern of vertical variation in species repartition, allelic frequencies and sexual phenotypes along the micro-spatial-scale of the shore, in order to address the following questions:

1. What is the introgression level in each species?
2. Where are hybrids on the shore and what is their frequency?
3. Is there any directionality in gene flow between species?

We studied populations along transect in two locations, Santec (North Brittany, France) and Viana (North Portugal). The first results in Brittany showed that there is no temporal or spatial barrier to gene flow between species. Moreover, the microsatellite analysis does not reveal distinct clusters and few individuals morphologically classified as *F. spiralis* are genetically more related to *F. vesiculosus*. This supports the existence of hybridisation/introgression between these species. Nevertheless,  $F_{ST}$  values are at least twice as high between species of the same transect as between species of the different locations. The limitation to hybridization may result from the low dispersal capability of these species, as shown by spatial auto-correlation.

## POTENCIAL EVOLUTIVO DEL DIMORFISMO SEXUAL EN UN INSECTO HEMATÓFAGO (Evolutionary potential of sexual dimorphism in a bloodsucking insect).

Botto-Mahan, C., Ossa, C.G. y Medel, R.

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

La selección sexual es uno de los mecanismos para explicar el dimorfismo sexual en tamaño (DST). En especies donde el machos es de mayor tamaño que la hembra, la selección intrasexual entre machos, explica en parte esta diferencia. Sin embargo, en especies con dimorfismo inverso la selección natural podría favorecer el tamaño de las hembras si hay una asociación positiva entre tamaño y fecundidad, y si el potencial reproductivo femenino es limitado por recursos acumulados en el tiempo. En este estudio examinamos el potencial evolutivo del dimorfismo sexual en tamaño y forma en una especie de vinchuca endémica, *Mepraia spinolai*. Las hembras de esta especie son de mayor tamaño que los machos, y su inversión en tejido reproductivo se correlaciona positivamente con el tamaño corporal y nutrición. Se implementó un diseño genético cuantitativo de 40 familias de medio-hermanos de *M. spinolai*, cada una constituida por 1 macho y 3-4 hembras para estimar la heredabilidad del tamaño y forma para ambos sexos. Nuestros resultados indican que las hembras poseen baja variación genética aditiva para incrementar en tamaño. Por el contrario, los machos tienen una importante variación genética para seguir la evolución en tamaño y forma de las hembras, reduciendo de esta manera el dimorfismo sexual en esta especie.

Financiamiento: FONDECYT 3050033 & Anillo ACT 34-2006.

## PATRONES FILOGEOGRÁFICOS CONCORDANTES EN DIVERSAS ESPECIES APOYAN UN ORIGEN ANTIGUO DE LA ZONA DE TRANSICIÓN BIOGEOGRÁFICA MARINA A 30°S.

Faugeron, S., Valero, M., Fernández, M., Virad, F., Navarrete, S., Correa, J., Haye, P.A., Castilla J.C., Cárdenas, L., Tellier, F., Brante, A., Peralta, G. y Varela, A.

Departamento de Ecología, Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad. Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

El patrón de distribución de especies marinas costeras presenta en Chile 3 principales regiones biogeográficas: la Provincia de Magallanes al sur, la Provincia Peruana al norte y un Área Intermedia en el centro. Dos fronteras biogeográficas separan estas unidades espaciales: una a 42°S y otra a 30°S. La transición a 42°S se encuentra casi sistemáticamente en todos los taxones (invertebrados, pescados, algas) y corresponde a discontinuidades medioambientales e históricas importantes y claras. En cambio, la transición a 30°S es más controversial ya que no se observa para todos los taxones, su delimitación geográfica es más confusa y no corresponde a un cambio ambiental ni topográfico claro. Para investigar acerca del origen de esta transición biogeográfica, se emprendieron recientemente estudios filogeográficos de distintas especies de invertebrados y algas que atraviesan dicha zona: las algas pardas *Lessonia nigrescens*, *L. trabeculata* y *Macrocystis pyrifera*, los gastrópodos *Concholepas concholepas* y *Crepidula dilatata*, los bivalvos *Perumytilus purpuratus* y *Mesodesma donacium*, y el isópodo *Excirrolana hirsuticauda*. En 6 de estas 9 especies, se detectó una profunda discontinuidad genética alrededor de los 30°S. Estos resultados concuerdan con otros estudios en apuntar a las zonas de transición biogeográfica como fuente de discontinuidad genética, y sugieren un posible origen antiguo de la transición biogeográfica (hasta 4.5 millones de años de acuerdo a datos de *M. donacium*). Las especies *C. concholepas*, *L. trabeculata* y *M. pyrifera*, que a diferencia de las otras no muestran tal discontinuidad, corresponden a organismos con alto potencial dispersivo, resaltando la influencia de los rasgos de historia de vida sobre los patrones filogeográficos.

## BOTÁNICA II

### RESPUESTAS FISIOLÓGICAS AL ESTRÉS POR MANGANESO EN ARÁNDANOS CV. O'NEAL (HÍBRIDO INTERESPECÍFICO DE *V. CORYMBOSUM* L.) (Physiological responses by manganese stress in highbush blueberry cv. O'Neal [*V. corymbosum* L. interspecific hybrid]).

Ruiz, K.<sup>1,2</sup>, Salvatierra, A.<sup>1,2</sup>, Sierra, C.<sup>1</sup>, Carrasco, M.I.<sup>3</sup> y Torrigiani, P.<sup>4</sup>

<sup>1</sup> INIA Intihuasi; <sup>2</sup> CEAZA; <sup>3</sup> Universidad de La Serena; <sup>4</sup> Università di Bologna (Italia).

Los arándanos cv. O'Neal en el Norte de Chile generalmente presentan altas concentraciones foliares de manganeso (máximo tolerable 350 ppm). Se plantea como hipótesis que concentraciones foliares sobre 350 ppm afectan negativamente parámetros productivos y fisiológicos en O'Neal.

Plantas en macetas y bajo techo de polietileno, fueron sometidas a tratamientos de aplicación de MnSO<sub>4</sub> entre 0 hasta 128 ppm Mn, completando dos temporadas de evaluación.

Se monitoreó humedad relativa y temperatura del aire, pH y CE de las soluciones. Se realizaron mediciones de crecimiento vegetativo, productividad y absorción foliar de nutrientes. Se determinó tasa fotosintética (IRGA, Licor 6400-40), contenido de clorofilas y poliaminas.

La concentración foliar en la primera temporada fue acorde a las dosis de Mn aplicadas. Altas concentraciones de Mn afectaron negativamente la fotosíntesis, el contenido de clorofila y la producción, particularmente en períodos de altas temperaturas y radiación. La acumulación de poliaminas fue mayor en hojas maduras de los tratamientos estresados.

Esto indicaría que condiciones ambientales tendrían relación con respuestas a toxicidad por Mn, agravando efectos negativos.

Agradecimientos: Fundación de Innovación Agraria (FIA) y CEAZA.



## MIELES CHILENAS PROVENIENTES DE ZONAS CONTAMINADAS CON COBRE: ANÁLISIS QUÍMICO Y BIOLÓGICO (Chilean honeys from Copper polluted zones: chemical and biological analysis).

Mejías E., Olivares L. y Montenegro G.

Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. Financiado por Proyecto FONDECYT 1060535 a G. Montenegro. egmejias@uc.cl, gmonten@uc.cl

Chile presenta diversas ventajas para la producción de miel como poseer gran diversidad de especies melíferas endémicas. No obstante, la presencia de metales pesados provenientes de fuentes contaminantes ubicadas en cercanías de sitios de producción de miel, ha sido motivo de interés en el último tiempo, debido a que existen pocos antecedentes que relacionan estos ambientes contaminados y la presencia de tales elementos en mieles producidas en esas zonas. Asimismo, el uso de una rigurosa técnica analítica para la determinación de estos analitos en matrices orgánicas como miel, resulta fundamental para obtener resultados confiables.

Muestras de mieles colectadas en las cercanías del relave cuprífero "La Cocinera" (Ovalle, IV Región) y de la mina de cobre "El Soldado" (Petorca, V Región), junto con mieles obtenidas en las proximidades del camino al Cajón del Maipo (Santiago, Región Metropolitana), fueron analizadas a fin de comparar el grado de contaminación por cobre presente en cada lugar. La generación de cenizas se realizó mediante la deshidratación de muestras de miel y posterior digestión mediada por HNO<sub>3</sub>/HCl a 60 ° C. Los residuos inorgánicos obtenidos fueron resuspendidos en HNO<sub>3</sub> 2% para luego ser analizados por ICP-OES. Las mieles provenientes del relave y del yacimiento cuprífero mostraron concentraciones promedio mayores a 2 mg/kg, siendo estos valores consistentes con concentraciones de cobre obtenidas para suelos muestreados en cada zona de estudio. Se discuten los resultados en relación a la posible capacidad de la miel de actuar como indicador de contaminación por cobre en los sitios monitoreados.

Agradecimiento Beca Mecsup de apoyo para Estudiantes de Doctorado a E. Mejías.

## EXPRESIÓN DE UNA PROTEÍNA TIPO ELIPS EN *PHASEOLUS VULGARIS* (Elips like protein expression in *Phaseolus vulgaris*).

Olivares, D.<sup>1</sup>, Berti, M.<sup>1</sup>, Sierralta, W.D.<sup>2</sup> y Pinto, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Agronómicas, Laboratorio de Bioquímica Vegetal, Casilla 1004, Santiago.

<sup>2</sup> Universidad de Chile, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Laboratorio de Ultraestructuras. E-mail: olivares\_daniela@yahoo.com

A las proteínas tempranamente inducidas por luz en plantas (Elips) se les atribuye un rol protector contra la fotoinhibición. Las Elips han sido estudiadas en varias especies anuales como arveja y cebada. Sin embargo, como

en poroto su expresión es poco conocida, el objetivo de este trabajo fue caracterizarla bajo dos intensidades luminosas usado para ello anticuerpos anti-Elips de arveja. Para los diferentes tratamientos de inducción se usaron hojas de diferentes edades de las variedades, Orfeo y Arroz.

Los resultados indican que el anticuerpo de arveja reconoce la presencia fotodependiente de Elips en poroto. La mayor expresión se obtuvo en hojas seminales y trifoliales jóvenes a 25°C usando una intensidad de 1000 μmol PAR m<sup>-2</sup>s<sup>-1</sup>. Sin embargo, contrario a lo observado en otras especies anuales, esta proteína también se expresó a baja intensidad (150 μmolPAR m<sup>-2</sup>s<sup>-1</sup>), La expresión de Elips fue similar en ambas variedades de poroto.

Fondecyt 1070788.

## ESTADO DE CONSERVACIÓN DE *BROWNINGIA CANDELARIS* (CACTACEAE) EN CHILE (Conservation status of *Browningia candelaris* (Cactaceae) in Chile).

Pinto, R.<sup>1</sup>, Luebert, F.<sup>2</sup> y García, N.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Universidad Arturo Prat, Iquique, raquelpinto@vtr.net.

<sup>2</sup> Freie Universität Berlin, Institut für Biologie, Systematische Botanik und Pflanzengeographie. <sup>3</sup> Departamento de Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Chile.

Se da a conocer el estado actual de las poblaciones de *Browningia candelaris* en Chile. En 2006 se visitaron 26 sitios en las provincias de Arica e Iquique en los que se efectuó un total 114 parcelas de 1 ha en el nivel inferior, medio y superior de cada quebrada, y se registró número de individuos, altura de las plantas, vigor, estado fenológico y vegetación asociada. Se realizaron transectos altitudinales a lo largo de cada quebrada contabilizando los individuos con binoculares. El rango de distribución latitudinal de *Browningia candelaris* en Chile se extiende entre 18°12' y 20°15'S, a lo largo de 240 km, abarcando un área de ocupación aproximada de 1.900 km<sup>2</sup>, entre 1.840 y 3.380 m. Se estimó una población total de ca. 200.000 ejemplares vivos y se registró una densidad promedio de 3,6 individuos/ha. El 80% corresponde a individuos en las clases de tamaño mayores. En promedio se observó un 23% de individuos muertos, 19% muy débiles, 31% débiles, 22% normal y 5% vigorosos. Las especies más frecuentes que comparten el hábitat con *B. candelaris* son *Ambrosia artemisioides*, *Aphyllocladus denticulatus*, *Atriplex imbricata*, *Cumulopuntia sphaerica* y *Haageocereus fascicularis*.

Agradecimientos: Compañía Minera Cerro Colorado - BHPBilliton, DAAD y M. Muñoz (SGO).

**ROL DE LAS ANTOCIANINAS EN LA RESISTENCIA A LA RADIACIÓN UV-B EN ARABIDOPSIS MUTANTE (ESKIMO1) (*role of anthocyanins in resistance to UV-B radiation in arabidopsis mutant (eskimo1)*).**

Donoso-Ñanculao, G., Bascuñán-Godoy, L., Gallardo, J., Bravo, L.A. y Corcuera, L.J.

Laboratorio de Fisiología Vegetal, Departamento de Botánica, Universidad de Concepción.

La aplicación de alta dosis de radiación UV-B causa daños severos a nivel de ADN, proteínas y membranas lipídicas, pudiendo provocar su muerte. Se ha reportado que algunas plantas se protegen de esta radiación evadiendo el daño mediante pigmentos como las antocianinas que absorberían esta radiación. La mutante de *Arabidopsis (eskimo1)* posee niveles constitutivos de antocianinas 10 veces mayor que la planta silvestre. Frente a este hallazgo se investigó el rol protector de estos pigmentos frente a la luz UV-B en *Arabidopsis thaliana*. Para ello se aplicó un tratamiento que consistió en una dosis de UV-B de 0,8 mW/cm<sup>2</sup> (aprox. 10 veces superior a la radiación observada en el trópico) por 40 minutos, tanto a la planta mutante como a la planta silvestre. La tasa de fotoinactivación fue un 30% mayor en las silvestres que en el mutante. Se observó que a los 5 días después del tratamiento sobrevivieron 5 de 9 plantas mutantes y 0 de 9 plantas silvestres, lo cual indica que existe una correlación entre la mayor cantidad de antocianinas y la protección frente a la radiación UV-B.

LB y JG Becarios CONICYT. GD Becario MECESUP.

**LA TRIBU GILLIESIEAE (GILLIESIOIDEAE: ALLIACEAE) (The tribe Gilliesieae (Gilliesioideae: Alliaceae)).**

Escobar, I.\*, Negritto, M.A., Ruiz, E. y Baeza, C.

Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Casilla 160-C, Concepción, Chile. \*iescobar@udec.cl

Gilliesieae Lindl. incluye géneros con flores zigomórficas, exclusivamente sudamericanos, la mayoría de ellos endémicos de Chile. Tanto el número como la delimitación de géneros y especies que comprende la tribu Gilliesieae es controversial, variando de 5 a 9 géneros y 10 a 21 especies, según los caracteres utilizados por diferentes autores. El objetivo del presente trabajo fue determinar, mediante la utilización de la taxonomía numérica, caracteres morfológicos que contribuyen a conformar las agrupaciones de OTUs, correspondientes a niveles

taxonómicos genéricos y específicos. El análisis se realizó con el programa NTSyS versión 2.02. Los caracteres que en su conjunto permitieron definir grupos dentro de la tribu Gilliesieae, son: el número, disposición, forma y unión de los tépalos, presencia o ausencia de apéndices en la base de los tépalos, número, disposición y forma de los apéndices, número de estambres y estaminodios, grado de fusión de los filamentos y forma de la cápsula. Los grupos obtenidos corresponden a 8 géneros y 12 especies. Se reconocen los géneros: *Ancrumia* Harv., *Gethyum* Phil., *Gilliesia* Lindl., *Miersia* Lindl., *Schickendantziella* Speg., *Solaria* Phil., *Speea* Loes. y *Trichlora* Bak.

Agradecimientos: a los curadores de los herbarios CONC, SGO, ULS, CORD y Universidad de Talca.

**CONANTHERAS PEQUEÑAS: ¿UN COMPLEJO DE ESPECIES O UNA ESPECIE COMPLEJA? (Small Conantheras: one species' complex or a complex species?).**

Ortúzar, M.A.<sup>1</sup>, y Negritto, M.A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Botánica, Universidad Austral de Chile. marceloortuzar@uach.cl. <sup>2</sup> Departamento de Botánica, Universidad de Concepción. Patrocinio: Beca Mecesus-Redes UCO0214.

*Conanthera* Ruiz & Pav es uno de los tres géneros endémicos de Tecophilaeaceae (Asparagales) que crecen en Chile. Su taxonomía es confusa, según los autores posee de 5 a 13 especies. Dentro del género existen cuatro entidades taxonómicas con flores de tamaño pequeño (sin considerar *C. urceolata*) que corresponden a las especies *C. alba*, *C. johowii*, *C. minima* y *C. parvula*, las que han sido establecidas a partir de caracteres cuantitativos muy variables. En contraposición, hay autores que consideran a *C. alba* sinónimo de *C. johowii* o de *C. campanulata*; y a *C. johowii* y *C. minima* sinónimo de *C. parvula*. Este estudio intenta verificar los atributos que se han utilizado para separar las cuatro especies y evaluar la validez de las sinonimias propuestas. Se analizó material de herbario (SGO, CONC y ULS) y fresco colectado de múltiples poblaciones (150 OTU's y 25 caracteres cuantitativos y cualitativos), mediante análisis numéricos multivariados, con el programa NTSyS 2.20. Los resultados obtenidos en forma preliminar no permiten separar las cuatro entidades de *Conanthera* de tamaño pequeño, y simultáneamente muestran una clara separación entre *C. alba* y *C. campanulata*.

Agradecimientos: M. Muñoz, G. Arancio, A. Marticorena y P. Peñailillo.

**“MIELES CHILENAS ENDÉMICAS DE ORIGEN BOTÁNICO CONOCIDO: EVALUACIÓN DEL EFECTO DE EXTRACTOS DE MIEL EN LA SOBREVIVENCIA DE CÉLULAS CANCERÍGENAS” (Endemic chilean honeys with known botanical origin: evaluation of the honey extract effect over cancerigen cells survival).**

Urzúa, N.<sup>1</sup>, Moreno, R.D.<sup>2</sup> y Montenegro G.<sup>1</sup>

Pontificia Universidad Católica. <sup>1</sup> Facultad de Agronomía en Ingeniería Forestal. <sup>2</sup> Facultad de Ciencias Biológicas. Financiamiento: FONDECYT 1060535, FDI-INNOVA 06CN12IAD-01.

Dentro de los compuestos vegetales, los compuestos fenólicos, alcaloides y terpenos, han mostrado una elevada actividad biológica, con propiedades antibacterianas, antifúngicas y antiproliferativas, tanto en modelos animales como en humanos. Incluso se ha observado que ciertos compuestos activan la expresión de genes involucrados en procesos de muerte celular programada. Mediante análisis químicos, se ha detectado la presencia de estos compuestos, en extractos de mieles, por lo que se desarrolló un protocolo para tratar de dilucidar los posibles efectos que estos extractos naturales puedan provocar en células cancerígenas humanas. Se trataron las células cancerígenas con distintas concentraciones de extractos de mieles, de origen botánico y geográfico conocido, y se probaron distintos tiempos de incubación. Se evaluaron los cambios en la tasa de proliferación o muerte, observados en el cultivo celular. Al detectar aumentos en la tasa de muerte celular, se analizaron parámetros tales como la activación de caspasas y fragmentación nuclear, rasgos característicos del proceso de muerte celular programada. El desarrollo de este estudio, permitirá predecir sin un extracto de miel, de origen botánico nativo y con o sin metales pesados, puede ser considerado un agente quimiopreventivo.

**BIOLOGÍA CELULAR-  
BIOQUÍMICA-BIOLOGÍA  
MOLECULAR**

**POLIMERIZACIÓN *IN VITRO/IN VIVO* Y ACTIVIDAD GTPÁSICA DE LA TUBULINA BACTERIANA BTUBA/B (In *vitro/in vivo* polymerization and GTPase activity of bacterial tubulin BtubA/B).**

Díaz, C., Undurraga, C., León, R., Muñoz, M., Hurtado, F.L., Lagos, R. y Monasterio, O.

Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Departamento de Biología, Universidad de Chile.

BtubA/B es una proteína bacteriana perteneciente a la familia de la tubulina que está presente en *Prostheco bacter dejongeii*. Al igual que tubulina y su homólogo lejano FtsZ, BtubA/B polimeriza en presencia de GTP, para formar estructuras filamentosas, donde la actividad GTPásica es dependiente de la polimerización. Se diseñó un nuevo método para la purificación de BtubA/B por ciclos de polimerización y despolimerización. Se caracterizó la actividad GTPásica y la polimerización de BtubA/B. Se observó que la actividad GTPásica al igual que la polimerización es dependiente de KCl y muestra una concentración crítica de 2  $\mu$ M aproximadamente, que es característica de un ensamblaje cooperativo. Se marcó BtubA/B con las sondas fluorescentes isotiocianato de fluoresceína (FITC) y tetrametilrodamina (TAMRA) y se caracterizó la formación de polímeros tanto *in vitro* como *in vivo*.

(FONDECYT N° 1050677).

## ALTERACIONES NUMÉRICAS EN SEGMENTOS DE ADN DE CARCINOMAS ESCAMOSOS PULMONARES DERIVADOS DE PACIENTES DEL NORTE DE CHILE

Martínez, V.<sup>1</sup>, Lam, W.L.<sup>2</sup>, Lam, S.<sup>2</sup>, Adonis, M.<sup>1</sup>, Benítez, H.<sup>3</sup> y Gil, L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad de Chile. <sup>2</sup> British Columbia Cancer Agency, Canada. <sup>3</sup> Unidad de Anatomía Patológica, Hospital Regional de Antofagasta.

**ANTECEDENTES:** La II Región de Chile muestra una alta incidencia de carcinomas escamosos pulmonares (CEP), hecho correlacionado con exposición a arsénico. A su vez, las alteraciones de número de copias (ANC) de segmentos de ADN son relevantes en neoplasias y pueden asociarse a cancerígenos. De esta forma, nuestro objetivo es identificar ANC específicas en el genoma de CEP provenientes de pacientes de la II Región y analizar la función de genes involucrados en estas.

**METODOLOGÍA:** 34 CEP (13 Antofagasta/21 Vancouver) fueron analizados utilizando hibridación genómica comparativa basada en microarreglos de ADN con cobertura total del genoma (resolución: 80Kb). La significancia se estimó con el test de Fisher.

**RESULTADOS:** Ganancias en la región 20q12-q13.13 y pérdidas en 14q11.2-q12 son más frecuentes en individuos de la II Región. Pacientes no fumadores de la II Región muestran una amplificación específica en 19p12. 88% de los genes contenidos están asociados a regulación de la transcripción y dos muestran sobreexpresión en células expuestas a arsénico.

**CONCLUSIONES:** Existen ANC características en CEP de pacientes de la II Región de Chile. Alteraciones específicas en no fumadores abre la posibilidad de vías alternativas en la carcinogénesis de CEP.

**FINANCIAMIENTO:** *Genome Canada, Government of Canada Awards Program*, Proyecto MECESUP-UCH0306.

## SEQUENCE-BASED TYPING (SBT) OF ALLELES HLA-B\*3509 AND HLA-B\*3933 IN TWO INDIVIDUALS INFECTED WITH HANTAVIRUS ANDES (ANDV).

Ferrer-Campos, P.A.\* Llop, E., Vial, P. & Rothhammer, F.

Grupo Científico del Sur, Universidad de Chile - Universidad del Desarrollo.

In our study of typing of system HLA by means of SSP-PCR in 87 individuals infected with ANDV we found that two individuals (P1 and P2) could not be typed for the B locus by means of this technology. P1 was negative and P2 showed an ambiguous result for this locus. The amplification using specific primers for exons two and three of B locus allowed to amplify two fragments of 456 and 396 pb respectively the which were later cloned in the vector pGem. For each patient sixteen clones were sequenced automatically in both senses. Eight corresponding to exon two and eight corresponding to exon three. For P1 the sequences of exons two and three

indicated that this patient was carrier of the HLA-B\*3933 allele and probably homozygote for this allele. For P2 patient the sequence of exons two and three indicated that this patient was carrier of HLA-B\*3509 and HLA-B\*3933 alleles. Although we thought that these were new alleles, one of them, HLA-B\*3509, had been previously described by Marcos and collaborator in a individual Mapuche of the Argentinean South. For HLA-B\*3509 allele, the comparison of the sequences obtained in the data bases of GenBank and MIGHIT indicated that it was HLA-B\*3509 allele with a E=0.00001 value and 100% of identity. When we made the virtual translation of this region we observed that the differences were in three amino acids in positions 114, 116 and 131 of the region of greater variability (polymorphism). The HLA-B\*3509 allele was found in a individual Mapuche of the Chilean South (P2) with positive IgG antibodies for hantavirus Andes. This person relates not to have attended doctor by some respiratory affection, which would represent a case of extreme benignancy of the infection by hantavirus Andes. This is the first report in which the HLA-B\*3509 allele is identified in a subject Mapuche with a very mild clinic course of the infection by hantavirus Andes.

## PEX3P Y PEX16P TRANSITAN POR EL RETÍCULO ENDOPLÁSMICO EN FIBROBLASTOS HUMANOS (Pex3p and Pex16p transit through the Endoplasmic Reticulum in human fibroblasts).

Toro, A. y Santos, M.J.

Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, msantos@bio.puc.cl

La Biogénesis Peroxisomal (BP) es un proceso celular aún no dilucidado. En animales, se han propuesto dos modelos. El primero, llamado de "Crecimiento y División", establece que cada peroxisoma se origina de uno preexistente. El segundo, supone una síntesis peroxisomal *de novo*, desde el Retículo Endoplásmico (RE). Un amplio debate existe sobre este tema, y en humanos poco se sabe al respecto. Los genes involucrados en la BP se llaman PEX, y peroxinas sus proteínas. Un grupo de genes PEX actúan tempranamente en la BP. Entre ellos, destacan PEX3 y PEX16, cuyas mutaciones causan la ausencia total de peroxisomas.

Con el fin de establecer si el RE participa en la BP humana, modificamos genéticamente los genes PEX3 y PEX16, adicionándoles un Péptido-Señal (PS) para el RE. Si estas peroxinas tempranas son destinadas al RE, la adición de un PS no afectaría su localización/función subcelular, siendo capaces de llegar a los peroxisomas. La transfección de PS-PEX3-GFP y PS-PEX16-GFP, en fibroblastos controles, permitió localizarlas tanto en el RE como en los peroxisomas. En fibroblastos mutantes en PEX3 ó PEX16, carentes de peroxisomas, nuestras quimeras permitieron recuperar la BP.

Estos resultados sugieren que Pex3p y Pex16p, transitarían normalmente por el RE, y que de este organelo se originarían *nuevos* peroxisomas.

Financiamiento: Puente 07/2007, VRAID, PUC.

### **LIPOPROTEÍNA DE ALTA DENSIDAD DE PECES TELEOSTEOS: UNA PROTEÍNA UBIQUA Y MULTIFUNCIONAL (Teleost fish high density lipoprotein: a ubiquitous and multifunctional protein).**

**Amthauer, R.** Villanueva, J. \*Goicoechea, O. y Concha, M.I.

Instituto de Bioquímica, \* Instituto de Embriología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Nuestro laboratorio ha demostrado que en *Cyprinus carpio* y *Oncorhynchus mykiss* la lipoproteína de alta densidad (HDL) es la proteína predominante en el plasma y además está presente tanto en el mucus como en la epidermis, así como otros tejidos. Adicionalmente hemos demostrado que tanto HDL como sus apolipoproteínas, ApoA-I y ApoA-II, exhiben una potente actividad antimicrobiana, lo que apoya fuertemente la visión de que esta lipoproteína además de su rol en el transporte de lípidos jugaría un rol defensivo importante como componente del sistema de inmunidad innata en peces.

Ampliando nuestros estudios de distribución y localización de HDL y sus apolipoproteínas analizamos plasma seminal de *O. mykiss*. Por PAGE-SDS se detectó en forma consistente en distintos individuos una cadena polipeptídica importante de 25 kDa, la que por western blot se identificó como ApoA-I. Análisis por RT-PCR de preparaciones de RNA gonadal confirman que efectivamente el gen de apoA-I se expresa en este tejido lo que sugiere que la apolipoproteína presente en el plasma seminal es sintetizada localmente. Teniendo presente las funciones de movilización de colesterol, actividad antioxidante y antimicrobiana de HDL, su presencia en el plasma seminal podría ser de gran relevancia para la sobrevivencia y funcionalidad de los espermatozoides.

Proyecto DID S-200719.

### **CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL IN VITRO DE LA MUTACIÓN Y222W EN LA INTERFASE INTERDOMINIO DE FTSZ DE ESCHERICHIA COLI (In vitro functional characterization of Y222W mutant in the interdomain interface Escherichia coli FtsZ).**

**Montecinos, F.,** Mascayano, M.J., Lagos, R. y Monasterio, O.

Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. FONDECYT 1050677.

FtsZ es una GTPasa que participa en la división celular de *E. coli* (EcFtsZ) a través de la formación del anillo Z. EcFtsZ posee dos dominios, el dominio amino de plegamiento Rossmann que une el nucleótido GTP y el dominio carboxilo con un plegamiento tipo corismato mutasa que participa en la interacción con otras proteínas del divisoma bacteriano. Un lazo no estructurado que conecta a las hélices H6 y H7 en el cristal de FtsZ es considerado la frontera de ambos dominios, la superficie de interacción interdominio es de tipo permanente y posee

1547 Å<sup>2</sup>. Mediante un análisis de mutaciones correlacionadas se determinó que la tirosina 222, un residuo de la interfase interdominio, presenta el mayor número de correlaciones entre pares de residuos del bolsillo de unión a nucleótido y una región flexible del dominio carboxilo terminal de EcFtsZ. Se construyó la mutante Y222W. EcFtsZ purificada polimeriza en presencia de GTP y conforme el nucleótido es consumido, a través de la actividad enzimática de la proteína, ocurre la despolimerización. La actividad enzimática y polimerización de FtsZ están caracterizadas por una concentración crítica (C<sub>r</sub>). La proteína mutante purificada presenta un valor de C<sub>r</sub> similar a la silvestre, sin embargo, la actividad enzimática y cinética de polimerización están afectadas. Por otro lado, la microscopía electrónica de los polímeros no muestra cambios importantes en la forma. Adicionalmente, la mutante no complementa la función de FtsZ *in vivo*.

### **UN CICLOPÉPTIDO DERIVADO DE ALFA FETOPROTEÍNA (AFP) DISMINUYE LA PROLIFERACIÓN DE CÉLULAS TUMORALES MAMARIAS CANINAS (A cyclic AFP-derived nonapeptide inhibits canine tumor mammary cells proliferation).**

**Torres, C.** y Sierralta, W.D.

Laboratorio de Estructuras, INTA, Universidad de Chile

**INTRODUCCIÓN.** La neoplasia mamaria es la patología tumoral prevalente en la hembra canina. Estradiol (E2) es fundamental en el desarrollo de esta neoplasia, por su acción mitogénica. Para estudiar alternativas de control proliferativo, utilizamos un nonapéptido cíclico (cP) derivado de AFP, que inhibe la proliferación inducida por E2 en células tumorales mamarias humanas estrógeno-dependientes y actúa como agente antioncótico en modelos murinos de cáncer mamario.

**OBJETIVOS.** Determinar el efecto de cP sobre la proliferación de células tumorales mamarias caninas estradiol dependientes.

**MÉTODOS.** Se establecieron cultivos primarios de células tumorales mamarias caninas provenientes de tumores de presentación espontánea. Las células fueron mantenidas en DMEM/F12 conteniendo 5% de suero de ternera tratado con carbón. Los cultivos fueron estimulados con 2nM E2 en presencia y ausencia de 2µg/ml de cP. La proliferación se midió por citometría e inmunofluorescencia para el antígeno de proliferación celular Ki67. Se determinó también la expresión de los receptores α y β de E2 (REα, REβ) mediante inmunofluorescencia.

**RESULTADOS Y CONCLUSIONES.** Las células cultivadas mostraron expresión nuclear y citoplasmática de REα y REβ.

Respecto de las células que recibieron solo el estímulo con E2, cP provocó disminuciones significativas en la proliferación celular y en la inmunoexpresión de Ki67.

Se concluye que, al igual que en células sensibles de origen humano, cP ejerce un efecto antiproliferativo sobre las células tumorales mamarias caninas estrógeno-dependientes.

**EFECTO DE OSC-ESPONDINA EN CRECIMIENTO Y FASCICULACIÓN AXONAL (Axonal growth and fasciculation mediated by SCO-Spondin).**

**Caprile, T., Márquez, F. y Osorio, G.**

Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias, Universidad de Concepción.

Durante el desarrollo del SNC los axones son guiados por diversas moléculas presentes en la matriz extracelular o en membranas de células vecinas, las cuales mediante fenómenos de atracción o repulsión ayudan a los axones a encontrar sus contrapartes sinápticas. Entre estos factores de señalamiento se encuentran miembros de la familia de las espondinas, las cuales se caracterizan por poseer el dominio TSR. Hasta el momento todas las proteínas con este dominio presentes en el SNC en desarrollo han sido relacionadas con guía axonal, exceptuando OSC-espondina, cuya función se desconoce. Esta proteína presenta más de veinte dominios TSR, y se encuentra desde etapas tempranas del desarrollo en la placa del techo diencefálica, por debajo de la comisura posterior en formación, sugiriendo un posible efecto de esta proteína sobre los axones que atraviesan dicha comisura.

En el presente trabajo se estudió mediante inmunocitoquímica la presencia de OSC-espondina en etapas tempranas del desarrollo y su estrecha relación con los axones que forman la comisura posterior. Se estudió además el efecto de esta proteína al ser utilizada como medio de adhesión en cultivo de neuronas corticales, o sobre explantes corticales mantenidos en geles de colágeno con distintas concentraciones de OSC-espondina. Los resultados obtenidos sugieren que OSC-espondina favorece el crecimiento axonal y la fasciculación, participando en el correcto desarrollo de la comisura posterior.

Financiado por FONDECYT 11060082.

## FISIOLOGÍA III

**REGULACIÓN POR ESTÍMULO ELÉCTRICO DEL FACTOR DE TRANSCRIPCIÓN SIX1 EN CÉLULAS MUSCULARES ESQUELÉTICAS (Electrical stimulation regulates transcription factor Six1 in skeletal muscle cells).**

**Aravena, M., Casas, M., León, J., Eltit, J.M. y Jaimovich, E.**

Centro de Estudios Moleculares de la Célula, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Six1 es un factor de transcripción involucrado tanto las etapas tempranas de la formación del músculo (determinación miogénica) como en la especificación del fenotipo de las fibras musculares adultas. Estudios preliminares realizados en nuestro laboratorio usando cultivos primarios de células musculares esqueléticas (miotubos) permitieron determinar que Six1 se localiza principalmente en el citoplasma celular y experimenta una translocación al núcleo celular en respuesta a una estimulación eléctrica de 400 pulsos de 1 ms a una frecuencia de 45 Hz. Posteriormente investigamos el efecto de la estimulación eléctrica sobre la localización subcelular de Six1 en miotubos primarios en tiempo real, utilizando una sonda Six1-GFP (proteína de fusión) y microscopía confocal. Los resultados muestran que la sonda Six1-GFP se localiza en los núcleos y su distribución se modifica específicamente en respuesta a la estimulación eléctrica. La sonda sufre un apagamiento transitorio de la fluorescencia y posteriormente aparece marcando estructuras en la periferia e interior del núcleo. El curso temporal de este fenómeno se relaciona con el de las señales de calcio lentas asociadas a la regulación de la expresión génica. Se discutirán experimentos para determinar si los cambios observados con la sonda Six1-GFP se relacionan con la actividad transcripcional de Six1.

FONDAP 15010006.

## RAC1 AND P38 CONTRIBUTE TO SIGNALING HIGH NA<sup>+</sup>CL-INDUCED MOVEMENT OF TONICITY ENHANCED BINDING PROTEIN (TONEBP) FROM CYTOPLASM TO NUCLEUS

Gallardo, P.<sup>1</sup>, Burg, M.B.<sup>1</sup>, Schou, K.<sup>2</sup>, Hoffmann, E.K.<sup>2</sup>, Kapus A.<sup>3</sup> & Ferraris, J.D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> LKEM, National Heart Lung and Blood Institute, NIH, Bethesda, Maryland. <sup>2</sup> Department of Molecular Biology, University of Copenhagen, Denmark. <sup>3</sup> Saint Michael's Hospital Research Institute, Toronto, ON, Canada.

Patrocinio: Victoria Gallardo

Hypertonicity activates the transcription factor TonEBP, which protects cells by stimulating the transcription of transporters and enzymes involved in organic osmolyte accumulation. p38 kinase is activated by hypertonicity and contributes to the activation of TonEBP. Rac1 GTPase signals an activation of p38 kinase, associated with hypertonicity-induced cytoskeletal reorganization. An important part of the activation of TonEBP is its movement from cytosol to nucleus. The signaling pathways involved in this translocation are incompletely understood. Since Rac1 and p38 are activated by hypertonicity and p38 is involved in TonEBP activation, we hypothesized that Rac1 and p38 activity might both be necessary for TonEBP translocation. In the present experiments, to test for a role of Rac1, we transiently transfected Hek293 cells with expression plasmids containing either catalytically active (CA) Rac1 or dominant negative (DN) Rac1 or empty vector (EV). To test for a role of p38, we added the inhibitor SB203580. The cells were incubated for 2 hours in 200 (hypotonic), 300 (normotonic) or 500 (hypertonic) mosmol/kg medium (NaCl varied). We extracted cytosolic and nuclear proteins and measured TonEBP in both fractions by Western analysis, then calculated the total amount of TonEBP in each compartment and the nuclear to cytosolic ratio (N/C). We found that at 500 mosmol/kg N/C TonEBP is increased by expression of Rac1CA and is decreased by expression of Rac1DN or by addition of SB203580. We conclude that Rac1 and p38 contribute to high NaCl-induced movement of TonEBP from the cytoplasm to the nucleus.

This research was supported by the Intramural Research Program of the NHLBI, NIH.

## LOCALIZACIÓN DEL RECEPTOR DE TIPO I DE TGF-BETA/ALK-1 EN CÉLULAS ENDOTELIALES Y SU MODULACIÓN POR CAVEOLINA-1.

Santibáñez, J. F.<sup>1</sup>; Blanco, F.J.<sup>2</sup>; Garrido-Martín, E.M.<sup>2</sup>; del Pozo, M.A.<sup>3</sup> y Bernabeu, C.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile. <sup>2</sup> Centro de Investigaciones Biológicas, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Madrid España. <sup>3</sup> Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares, Madrid, España.

En las células endoteliales, TGF-beta ejerce sus funciones biológicas a través de dos receptores tipo I distintos, ALK-5 y ALK-1. Datos previos han demostrado que ALK-5 se

localiza en caveolas, donde la vía de señalización de TGF-beta vía este receptor se ve reprimida. En el presente trabajo demostramos que ALK-1 también se localiza en caveolas, ya que la depleción de colesterol altera su distribución subcelular. Además, ensayos de inmunoprecipitación y fraccionamiento celular en gradiente de sacarosa confirmaron que ALK-1 interacciona y co-fracciona con caveolina-1, principal componente de las caveolas. Cuando dicha asociación fue mapeada se observó que el dominio "scaffolding" de caveolina-1 era la región responsable, y que reconocía un motivo consenso de unión a caveolina en la secuencia W399-W406 de ALK-1. Al estudiar implicación funcional de la interacción ALK-1/caveolina-1, se demostró que, al contrario que con ALK-5, caveolina-1 es capaz de inducir la vía de señalización TGF-beta-ALK-1. Además, el bloqueo específico de caveolina-1 por siRNA anuló drásticamente la vía de señalización de ALK-1, efecto similar se obtuvo en células provenientes de ratones caveolina-1<sup>-/-</sup>. Estos datos en su conjunto indican a caveolina-1 como un regulador positivo de la señalización de TGF-beta vía ALK-1 en células endoteliales.

Financiamiento: FONDECYT 1050476 (JFS) y SAF2004-01390 (CB).

## INSULINA BLOQUEA EL AUMENTO DEL TRANSPORTE DE L-ARGININA POR D-GLUCOSA DISMINUYENDO LA EXPRESIÓN DE hCAT-1 EN ENDOTELIO FETAL HUMANO (Insulin blocks D-glucose increase of L-arginine transport decreasing hCAT-1 expression in human fetal endothelium).

González, M., Casanello, P. y Sobrevia, L.

Laboratorio de Fisiología Celular y Molecular (CMPL) y Laboratorio de Investigaciones en Perinatología (PRL), Centro de Investigaciones Médicas (CIM), Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

El transporte de L-arginina ocurre preferentemente por el sistema y<sup>+</sup>/hCAT-1 y es estimulado por altas concentraciones de D-glucosa en endotelio de vena umbilical humana (HUVEC). En este estudio determinamos si insulina modula el efecto de D-glucosa sobre la abundancia y actividad de hCAT-1 en cultivos primarios de HUVEC. D-Glucosa (25 mM, 24 horas) aumenta la captación en velocidad inicial de L-arginina (~2 veces), un efecto bloqueado por insulina (8 horas) en forma dependiente de la concentración (0.1-10 nM). D-Glucosa 25 mM aumenta ~3.2 veces la velocidad máxima ( $V_{max}$ ) comparado con D-glucosa 5 mM (control), sin alterar la  $K_m$  aparente. Insulina bloqueó el efecto de D-glucosa sobre la  $V_{max}$  con un  $EC_{50}$  = 0.13 nM. Alta D-glucosa también aumenta el nivel de mRNA (~5 veces) y proteína de hCAT-1 (~2 veces), siendo ambos efectos bloqueados por insulina. Así, es posible que insulina revierta el efecto estimulador de alta D-glucosa sobre el transporte de L-arginina disminuyendo la expresión del transportador hCAT-1 en HUVEC.

MG tiene beca CONICYT Doctorado y Apoyo a Tesis. FONDECYT 1070865.

**ÓXIDO NÍTRICO AUMENTA LA PERMEABILIDAD VENULAR INDUCIDA POR PAF ACTIVANDO DIFERENTES VÍAS DE SEÑALIZACIÓN (No Increases Paf-Induced Venular Permeability Activating Different Signaling Pathways).**

**González, FG.,** Díaz-Parra, C., León, L., Uslar, W., Velarde, V. y Boric, M.P.

Departamento de Fisiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

El aumento de la permeabilidad venular a macromoléculas en respuesta a factor activador de plaquetas (PAF) requiere la activación de eNOS y producción de óxido nítrico (NO). Dadores de NO no aumentan la permeabilidad, indicando la participación de otro mediador en el efecto del PAF. Estudiamos la participación de NO y  $O_2^-$ , cuya combinación produce ONOO<sup>-</sup> y con posible nitrosilación de proteínas, en el escape de macromoléculas inducida por PAF  $10^{-7}$ M. La microcirculación de la mejilla de hámster se observó mediante microscopía intravital y el transporte de macromoléculas se midió por el clearance de Dx-FITC (150 KD). TEMPOL 100 $\mu$ M, (secuestrador de ONOO<sup>-</sup> y  $O_2^-$ ), aumentó al doble la hiperpermeabilidad inducida por PAF. Apocinina 100 $\mu$ M (inhibidor de NADPHox), sola o con TEMPOL, disminuyó esta respuesta en un 50%. L-NNA 30 $\mu$ M (inhibidor de NOS) abolió el efecto de PAF, mientras que la aplicación de L-NNA y SNAP (1 $\mu$ M) recuperó totalmente la respuesta. Por otra parte, la inhibición de la guanilato ciclasa (GC) con ODQ (2 $\mu$ M), disminuyó la hiperpermeabilidad inducida por PAF aproximadamente un 50%. Los resultados obtenidos sugieren que PAF aumenta la permeabilidad venular mediante la producción de NO y de  $O_2^-$ , produciendo ONOO<sup>-</sup>, nitrosilación y/o activando directamente a GC.

Fondecyt 1040816.

**REGULACIÓN DE LA RESPUESTA A  $Ca^{2+}$  DE CANALES RYR DE CORTEZA DE RATA EN LA ISQUEMIA CEREBRAL (Regulation of  $Ca^{2+}$ -response of cortical RyR channels from ischaemic rat brains).**

**Bull, R.,** Finkelstein, J.P., Sánchez, G., Donoso, P. y Behrens, M.I.

ICBM. Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Los canales de  $Ca^{2+}$  sensibles a ryanodina (RyR) del retículo endoplasmático (RE) participan en la plasticidad sináptica y en la muerte celular isquémica. Al ser activados por  $Ca^{2+}$  pueden amplificar las señales de  $Ca^{2+}$  mediante liberación de  $Ca^{2+}$  inducida por  $Ca^{2+}$  (LCIC). Estudiamos la respuesta a  $Ca^{2+}$  citoplasmático de canales RyR de cerebros controles o isquémicos, incorporados en bicapas planas. Los canales de cerebros isquémicos y controles mostraron las mismas tres respuestas a  $[Ca^{2+}]_i$ : canales de activación baja, moderada o alta. Sin embargo, mientras en los controles los canales de baja activación fueron los más frecuentes, la isquemia aumentó la proporción de canales de alta activación y redujo la de los de baja activación. La isquemia indujo este cambio probablemente favoreciendo la oxidación de residuos SH, ya que redujo la razón glutatión reducido/oxidado en el cerebro. La abundancia de RyR disminuyó en el RE de cerebros isquémicos, tal vez mediante un mecanismo compensatorio. Nuestros resultados apoyan la hipótesis que las diferentes respuestas a  $Ca^{2+}$  de los RyR corresponden a diferentes estados de la proteína, que se seleccionan en condiciones fisiológicas o patológicas por modificación de residuos SH, regulando la amplificación de las señales de  $Ca^{2+}$  mediante LCIC.

Financiado por FONDECYT 1040717 y FONDAP CEMC 15010006.



**PROLACTINA AUMENTA LA PRODUCCIÓN DE ANION SUPERÓXIDO EN CÉLULAS *SHK-1* VÍA JAK2/STAT (Prolactin enhances superoxide anion production in *SHK-1* cells vía JAK2/STAT pathway).**

Olavarría, V.<sup>1</sup>, Monrás, M.<sup>2</sup>, Enríquez, R.<sup>2</sup>, Miller, C.<sup>1</sup> y Figueroa, J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. <sup>2</sup> Instituto Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile.

Prolactina (PRL) es una hormona-citoquina con propiedades inmuno-moduladoras. En peces, estimula procesos característicos de la inmunidad innata tales como fagocitosis y producción de anión superóxido.

En nuestro laboratorio, recientemente, clonamos el receptor de PRL (RPRL) desde riñón de *S. salar*, si bien el grado de identidad aminoacídica entre el receptor de la especie en estudio y el homólogo humano es de un 27%, el motivo de anclaje para la proteína JAK2 se encuentra completamente conservado en el dominio intracelular de RPRL de *S. salar*, situación que nos permitió considerar la posibilidad de un rol fundamental para esta proteína tirosina quinasa en la señalización del receptor de PRL de este pez.

Nuestros ensayos de estimulación con PRL han confirmado que la citoquina es capaz de estimular la producción de anión superóxido en células SHK-1 (*Salmón head kidney - I*), además de activar la transcripción de las subunidades del complejo NADPH oxidasa y del factor regulador de interferón-1. Los inhibidores genisteína y AG-490 bloquean la expresión de estos marcadores inmunes relacionados con la producción de anión superóxido en células *SHK-1* estimuladas con PRL, resultados que nos sugieren la participación de la proteína JAK2 en este proceso.

FONDECYT 1040073.

**BIOLOGÍA EVOLUTIVA III**

**RELACIONES FILOGENÉTICAS DEL CHORITO *PERUMYTILUS PURPURATUS* MEDIANTE SECUENCIACIÓN DE ADN R 16S (Phylogenetic relation of mussel *Perumytilus purpuratus* by 16S rDNA sequenciation).**

Astorga, M.P., Guñez, R., Toro, J., Presa, P. y Pérez, M.

Universidad Austral de Chile. Universidad de Antofagasta, Chile. Universidad de Vigo, España.

El chorito *Perumytilus purpuratus* es una especie de alta abundancia en la zona intermareal. Ha sido considerada un bioingeniero ecosistémico en las costas intermareales de Chile. Se distribuye desde el Ecuador al Estrecho de Magallanes por el Pacífico, y hasta Santa Cruz por el Atlántico argentino, y su larva posee una vida planctónica de tan solo 14 días. Actualmente existe muy poca información sobre las relaciones filogenéticas de esta especie con taxa emparentados del resto del mundo. El presente estudio secuenció la región 16S de ADNr (525 bp) en muestras de *P. purpuratus* provenientes de diferentes localidades de la costa de Chile. Para la reconstrucción filogenética se utilizó el método de máxima parsimonia, neighbor joining y análisis de network. Las muestras de Chile fueron comparadas con muestras de la familia Mytilidae distribuidas a lo largo del mundo y obtenidas desde la base de datos del GenBank. Las secuencias muestran un comportamiento neutral en base al valor del test de Tajima ( $D = -0.406$ ;  $p > 0,10$ ). Se observó una consistente divergencia entre las muestras de *P. purpuratus* con el resto de mitilidos. El análisis de bootstrap muestra un alto valor para el clado que agrupa a esta especie (100%). Las especies más cercanas corresponden a *Mytilus edulis*, *M. galloprovincialis* y *M. trossulus*.

FONDECYT 1050848, DID-UACH.

**FILOGENIA DE NUEVE ESPECIES DE CEFALÓPODOS COLEOÍDEOS MEDIANTE SECUENCIACIÓN DIRECTA VÍA PCR DE UN SEGMENTO DEL GEN MITOCONDRIAL CITOCROMO B (Phylogeny Of Nine Species Of The Coleoid Cephalopods Using Sequences Of Partial Mitochondrial Cytochrome B Gen).**

Vega, M.A.\* , Comesaña, A.S. y San Juan, A.

Xenética Evolutiva Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo, España.

Se analizaron 37 individuos pertenecientes a 9 especies y tres familias (Sepiidae, Loliginidae y Ommastrephidae) de la subclase coleoídea de los moluscos cefalópodos. Mediante la secuenciación directa vía PCR de un fragmento de 367 nucleótidos del gen mitocondrial citocromo *b* se reconstruyó la filogenia del grupo. Las secuencias fueron alineadas con la cadena de *Loligo bleekeri* obtenida del GenBank. Como modelo de sustitución se utilizó la distancia Kimura 2 parámetros entre las secuencias de las diferentes especies, y para la confección de los árboles filogenéticos se utilizó Neighbor-Joining (NJ). Para probar la consistencia de los árboles se usó 1.000 bootstrapping. La frecuencia porcentual de bases varió en las 9 especies analizadas siendo mayor el porcentaje de A + T en un rango de 70.3 % a 75.8 %. Los sitios variables fueron 123 (33.5%) de los cuales 87 fueron transiciones y 76 transversiones. La monofilia de las familias Loliginidae (94) y Ommastrephidae (70) son consistentes en más de un 69% de valores de remuestreo. La monofilia de la familia Sepiidae es robusta (99 %) al igual que la monofilia del género *Illex* (100 %) que incluyó 3 de las 4 especies descritas para el género. No se encontraron diferencias moleculares consistentes que separen las poblaciones de *Illex coindetii* e *Illex illecebrosus*. A escala supraespecífica en general las agrupaciones obtenidas en los árboles filogenéticos concuerdan con la clasificación establecida. No obstante sería conveniente incluir un espectro más amplio de la diversidad del grupo para obtener una reconstrucción filogenética más fidedigna.

\* Actualmente en el Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Santo Tomás, Av. Héroes de la Concepción 2885, Iquique, Chile.

**RELACIONES FILOGENÉTICAS Y BIOGEOGRÁFICAS DEL GÉNERO *THYLAMYS* (GRAY, 1843) BASADA EN SECUENCIAS COMPLETAS DEL GEN CITOCROMO B (Phylogenetic And Biogeographic Relationships Of The Genus *Thylamys* (Gray, 1843) Based On Complete Sequences Of The Cytochrome B Gene).**

Cancino, R.A.<sup>1</sup>, Rodríguez-Serrano, E.<sup>1</sup>, Boric-Bargetto, D.<sup>1</sup>, Flores, D.<sup>2</sup>, Bárquez, R.<sup>2</sup>, Pardiñas, U.<sup>3</sup>, Alfaro, F.<sup>1</sup>, De Mello, R.<sup>4</sup> y Palma, R.E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. <sup>2</sup> Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán, Argentina. <sup>3</sup> Centro Nacional Patagónico, Puerto Madryn, Argentina. <sup>4</sup> Universidad Estatal de Maringá, Brasil.

Los marsupiales didelphimorphios del género *Thylamys* (Gray, 1843) han sido objeto de numerosos estudios sistemáticos y filogenéticos. Sin embargo aún subsisten dudas con respecto a las especies que conforman el género y sus relaciones filogenéticas. Actualmente se ha probado la monofilia de *Thylamys* reconociéndose 6 especies: *T. macrura*, *T. velutinus*, *T. pusillus*, *T. venusta*, *T. pallidior* y *T. elegans*. Sin embargo, se han propuesto al menos otras 3 especies: *T. tatei* (costa central de Perú), *T. cinderella* y *T. sponsorius* (noroeste de Argentina). Con el objetivo de clarificar las relaciones filogenéticas al interior del género *Thylamys*, secuenciamos el gen citocromo b completo (1149 pb) de especímenes de todos los taxa anteriormente mencionados. Los análisis filogenéticos realizados con distintos criterios de optimización (parsimonia, distancia, likelihood) confirman las 6 especies previamente reconocidas, además de *T. cinderella* y *T. tatei*. *T. sponsorius* en cambio no es sustentada como una buena especie. Además, especímenes clasificados como *T. pallidior* de Arequipa (Perú), conforman un clado distinto al de los otros especímenes de *T. pallidior* (Bolivia, Chile y Puno, Perú) y más estrechamente relacionado con *T. tatei*, constituyendo probablemente una nueva especie de *Thylamys*.

Financiamiento: FONDECYT-FONDAP-CASEB 1501-0001, NIH Hantavirus Grant Chile-Panamá, Fondecyt 1070331.

**EVALUACIÓN DE ÁREAS ANCESTRALES Y RUTAS DE DISPERSIÓN DE *OLIGORYZOMYS LONGICAUDATUS* (SIGMODONTINAE): UNA APROXIMACIÓN BAYESIANA (Evaluation of ancestral areas and dispersion ways of *Oligoryzomys longicaudatus* (Sigmodontinae): a bayesian approach).**

**Torres-Contreras, G.<sup>1</sup>**, Palma, R.E.<sup>2</sup> y Hernández, C.E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratorio de Diversidad Molecular y Filoinformática, Departamento de Zoología, Universidad de Concepción, Concepción-Chile. <sup>2</sup> CASEB, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago. Patrocinio: Hernández, C.E.

*Oligoryzomys longicaudatus* posee un amplio rango de distribución en Chile (28°-51°S) y Argentina (32°-48°S). Se caracteriza por ser morfológicamente homogénea, altamente vagil y con fuerte flujo génico. Se ha propuesto que el área de la cual *O. longicaudatus* migró, hasta establecer su rango de distribución actual, estaría en latitudes altas y las rutas de migración dentro de su rango serían mayores desde latitudes medias hacia bajas. Basados en el Método Comparativo Filogenético y empleando aproximaciones Bayesianas con Cadenas de Markov y Monte Carlo, se evaluó la incerteza del área ancestral de distribución y de las tasas de migración entre áreas contiguas.

Los resultados indican que la zona con mayor probabilidad de ser el área ancestral es Austral (50°-55°S). A través de la historia, existe una mayor probabilidad de una transición desde la zona Sur a la zona Central. Estos resultados basados en la evaluación de la incerteza filogenética sustentan previas hipótesis de la biogeografía histórica de *O. longicaudatus* y permiten proponer un escenario histórico basado en probabilidades.

Agradecimientos: FONDECYT-1070331; C. Canales-Aguirre, M. y A. Pérez.

**EL ROL DE LA DISPERSIÓN PASIVA Y DEL RECLUTAMIENTO LOCAL EN LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE UN INCUBADOR MARINO BENTÓNICO (The role of passive dispersal and local recruitment on the genetic structure of a marine benthic brooder).**

**Haye, P.A.**, Marchant, S., Varela, A. y Thiel, M.

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

Los isópodos que hasta ahora se conocen como una única especie, *Limnoria chilensis*, son incubadores que habitan los discos de fijación de macroalgas, por lo que tienen alto potencial de dispersión por rafting (sobre objetos flotantes). Cuando los juveniles emergen de la hembra permanecen en la galería maternal (reclutamiento local). Se hipotetiza que a escala macrogeográfica (entre regiones) hay conectividad entre poblaciones producto del rafting. Por otra parte, debido al reclutamiento local, se hipotetiza que a escala microgeográfica (dentro de una playa) existe diferenciación genética entre demes de una población. Para poner a prueba la hipótesis macrogeográfica se obtuvieron secuencias parciales del gen Citocromo Oxidasa I de individuos de *Limnoria* de 11 poblaciones (21°S a 45°S). Análisis de las secuencias revelaron que existen por lo menos cinco especies de *Limnoria* dentro de lo que se conoce como *Limnoria chilensis*. Dos de las especies están distribuidas en un amplio rango geográfico. Una se extiende por lo menos por 21 grados de latitud lo que podría ser consecuencia del rafting. Para el análisis microgeográfico se utilizaron ocho loci microsátélites en una de las especies en un muestro a seis distancias geográficas dentro de una playa. Se validó parcialmente la hipótesis propuesta, ya que existe una baja, pero significativa, diferenciación genética entre demes.

Financiamiento: FONDECYT 1051076-2005.

**DIFERENCIACIÓN GENÉTICA Y FLUJO GÉNICO EN POBLACIONES FRAGMENTADAS: EL CASO DE *Orestias* EN EL ALTIPLANO CHILENO (Genetic differentiation and gene flow in fragmented populations: the case of *Orestias* in the Chilean Altiplano).**

Morales, P.<sup>1,2</sup>, Vila, I.<sup>2</sup> y Poulin, E.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Ecología y Biodiversidad. <sup>2</sup> Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Durante el Pleistoceno han ocurrido variaciones en el nivel de agua en el Altiplano. En períodos húmedos existieron grandes paleolagos que lograron conectar áreas muy alejadas, mientras que en períodos secos, como el actual, solo se observan lagos, pequeñas lagunas y salares.

*Orestias ascotanensis*, pez endémico del Salar de Ascotán ubicado al sur del Altiplano en la II Región, Chile, habita las pequeñas vertientes aisladas que hay en él. Al norte se ubica el Salar de Carcote que también contiene poblaciones separadas de *Orestias*. En este escenario deberían comenzar a operar procesos de diferenciación genética que, eventualmente, podrían llegar a provocar eventos de especiación.

Analizando la región control del ADN mitocondrial, se observó una alta diversidad genética total. Sin embargo, esta variabilidad es muy diferente a nivel de vertientes. Aquellas que presentan mayor diversidad son las que se encuentran menos estructuradas genéticamente, lo que indica la existencia de contacto y flujo génico que permitiría mantener un tamaño poblacional efectivo importante. Por el contrario, las vertientes más aisladas muestran bajo nivel de diversidad genética y, por ende, un bajo tamaño efectivo. Así, estas últimas serían poblaciones más susceptibles a la pérdida de diversidad genética si disminuyeran sus tamaños poblacionales.

Agradecimientos: Instituto de Ecología y Biodiversidad. Beca de Magíster del Proyecto ICM, código P05-002.

**ESTUDIOS GENÉTICOS EN POBLACIONES FRAGMENTADAS DEL ÁRBOL ENDÉMICO *Aextoxicon punctatum* EN CHILE SEMIÁRIDO USANDO MARCADORES MICROSATELITES (Genetic studies of fragmented populations of the endemic tree *Aextoxicon punctatum* in semiarid Chile using microsatellite markers).**

Núñez-Ávila, M.<sup>1,3</sup>, Marquet, P.A.<sup>1,2</sup> y Armesto, J.J.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> IEB, Universidad de Chile. <sup>2</sup> CASEB, Universidad Católica de Chile. <sup>3</sup> Universidad Austral de Chile.

En el límite norte de su distribución, *Aextoxicon punctatum* (Olivillo), árbol endémico del sur de Sudamérica, se encuentra restringido a un mosaico de parches de diferentes áreas (0,1-20 ha) inmersos en una matriz de vegetación semiárida. Nosotros exploramos las consecuencias del tamaño del parche sobre la diversidad genética de

poblaciones de Olivillo en el Parque Nacional Fray Jorge (30° S). Colectamos hojas de 15 árboles provenientes de dos parches grandes (PG; 20 ha), dos medianos (PM; 6 ha) y dos pequeños (PP; 0,2 ha). Estimamos la diversidad genética usando cinco marcadores microsátélites recientemente desarrollados para Olivillo, que presentan 4-8 alelos por locus (31 alelos en total). La heterocigocidad (He) fue 0,63 (rango 0,4 en PP a 0,6 en PG). Solo un locus mostró desviaciones significativas del equilibrio de Hardy-Weinberg. Se construyó un dendrograma (UPGMA), que agrupó individuos de PM y PP separados de los PG. Nuestros resultados preliminares indican menor diversidad genética en PP y diferenciación genética entre fragmentos de diferentes tamaños, sugiriendo una fragmentación de antigua data. Mediante estos nuevos marcadores microsátélites podemos explorar hipótesis biogeográficas y ecológicas sobre los efectos de la fragmentación en esta especie arbórea.

Agradecimientos: Beca CONICYT (AT-23070198), Iniciativa Científica Milenio (P05-002-ICM), FONDAP-FONDECYT 1501-0001.

**INCREMENTO EXPLOSIVO EN ARGENTINA DE *Calomys musculinus* (RODENTIA) DURANTE EL HOLOCENO TARDÍO: EVIDENCIA PALEONTOLÓGICA Y GENÉTICA (Explosive increment in Argentina of *Calomys musculinus* (Rodentia) during the Late Holocene: paleontological and genetic evidence).**

D'Elía, G., Pardiñas, U.F.J., Lessa, E.P. y Salazar-Bravo, J.

Departamento de Zoología, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. Centro Nacional Patagónico, Puerto Madryn, Argentina. Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. Department of Biological Sciences, Texas Tech University, Lubbock, USA.

*Calomys musculinus* tiene una amplia distribución en zonas abiertas argentinas, bolivianas y paraguayas. En los agroecosistemas argentinos *C. musculinus* es uno de los roedores dominantes. Análisis genético-poblacionales focalizados en poblaciones del centro argentino sugieren un dramático incremento reciente en su abundancia. En este estudio ponemos a prueba dicho escenario analizando la distribución presente y pasada de *C. musculinus* en el centro y sur argentino y expandiendo el análisis genético para incluir otras poblaciones argentinas y de Bolivia y Paraguay. Las distribuciones se obtuvieron a partir de registros contemporáneos y del estudio de ensambles fósiles. El análisis genético se realizó sobre secuencias de ADNmit analizadas con enfoques genealógicos y coalescentes. La evidencia genética y paleontológica es concluyente en mostrar un incremento reciente en la abundancia de *C. musculinus*. Los fósiles muestran que dicho fenómeno, junto con la invasión de ciertas áreas, ocurrió a partir del siglo XVII. Basados en crónicas históricas y evidencia de otras disciplinas sugerimos que los cambios en la distribución y abundancia de *C. musculinus* fueron favorecidos por modificaciones ambientales de origen antrópico.

## BOTÁNICA III

### IDENTIFYING PATHWAYS AND MOLECULAR TARGETS OF SORTIN1, A SYNTHETIC COMPOUND THAT AFFECTS MORPHOLOGY AND PROTEIN TARGETING TO THE VACUOLE.

Norambuena, L., Hicks, G.R., Rosado, A., Brown, M. & Raikhel, N.V.

Center for Plant Cell Biology at Department of Botany and Plant Sciences. University of California Riverside. Riverside, California, US.

Endomembrane trafficking in eukaryotes is essential for the intracellular delivery of cargoes and membranes. The vacuole is one of the key compartments of the endomembrane system in plants as the site of protein degradation, nutrient recycling and storage of biological components. Sortin1 is a low mass compound that results in the secretion of vacuolar proteins and affects vacuole morphology and root growth in Arabidopsis in a reversible manner. We have done Sortin1 structure-activity relationship (SAR) studies and we have screened for resistant and hypersensitive mutants in an EMS-mutagenized Arabidopsis population. Currently we are mapping the genes responsible for this phenotype. By combining cell biology, SAR studies of Sortin1 and genetics, we have obtained important insights about Sortin1 and its molecular target: 1) Sortin1 is highly selective for disrupting vacuole morphology, 2) Substructures defining distinct halves of Sortin1 reveal an amphipathic binding pocket, 3) The bioactive half molecules indicate multiple binding sites for Sortin1 within its target, and 4) Sortin1 mutants define two genetically distinct binding sites suggesting the presence of a bipartite binding pocket within the target. The future identification of the corresponding genes of Sortin1 mutants will provide insight into pathways of Sortin1 bioactivity and basic mechanisms of vacuole biogenesis.

### RAÍCES PROTEOÍDEAS, CRECIMIENTO, SOBREVIVENCIA Y EFICIENCIA FOTOQUÍMICA DEL PSII EN PROTEÁCEAS A DIFERENTES INTENSIDADES DE LUZ (Proteoid roots, growth, survival and photochemical efficiency of PSII in Proteaceae)

Reyes-Díaz, M.<sup>1</sup>, Alberdi, M.<sup>1</sup>, Bravo, L.A.<sup>2</sup>, Corcuera, L.J.<sup>2</sup> y Zúñiga-Feest, A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Agroindustria, Universidad de La Frontera, Temuco. <sup>2</sup> Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Concepción. <sup>3</sup> Instituto de Geociencias, Universidad Austral, Valdivia.

Se estudió el crecimiento estacional y la eficiencia fotoquímica del PSII (FPSII) de plántulas con y sin raíces

proteoideas (RP) de *Embothrium coccineum* (*Ec*) y *Gevuina avellana* (*Ga*), creciendo en parcelas del Parque Katalapi (X Región Chile), a plena luz (PL) y sombra (20% luz).

Solo las plantas con RP de *Ec* sobrevivieron. Esta sobrevivencia fue mayor a la luz (50%) que a la sombra (44%), siendo su crecimiento en altura bajo estos factores de 50% y 28%, respectivamente. Plantas de *Ga* con o sin RP presentaron sobrevivencia de ~80-90% a la sombra y su crecimiento fue de 50% y 69% respectivamente. Plantas de *Ga*, inicialmente sin RP, las formaron posteriormente. FPSII fue más alto en verano que en invierno, sugiriendo un efecto estacional de las bajas temperaturas. Los valores relativos de clorofila de *Ga* mostraron una mayor variación con RP que sin ellas, aumentando en otoño. En esta estación *Ec* presentó los mayores valores de clorofila. El crecimiento y la sobrevivencia de *Ec* es altamente dependiente de la formación de RP, en cambio, en *Ga* esto depende de la intensidad lumínica.

FONDECYT 1050640.

### VOLUMEN Y DINÁMICA DE SECRECIÓN DE NÉCTAR DE FLORES DE *QUILLAJA SAPONARIA* MOL (Volume and dynamic of floral nectar secretion of *Quillaja saponaria* Mol. Flowers).

Montenegro, G. y Díaz-Forestier, J.

Departamento Ciencias Vegetales, Pontificia Universidad Católica de Chile (gmonten@uc.cl)

El objetivo de este estudio fue cuantificar el volumen y la dinámica de secreción de néctar en flores de *Q. saponaria*; con el fin de optimizar la producción de miel. Se estudió el desarrollo floral y se determinó el volumen, concentración y la dinámica de secreción de néctar, colectando el néctar producido por una flor, diariamente, desde antes a senescencia. La producción de néctar aumentó desde el día 1 al 11 y luego decreció hasta el día 15. El máximo de secreción de néctar coincidiría con la receptividad del estigma en las flores hermafroditas y con la dehiscencia de las anteras en las flores masculinas. El volumen total de néctar secretado durante el periodo de vida fue de 61,8±4,69 µL en las flores hermafroditas y de 4,5 ±0,69 µL en las flores hermafroditas; por lo tanto el volumen esperado de néctar producido por árbol sería de 5,3 ±2,8 L, lo que equivaldría a 4,2 ±2,2L de miel. Se discute el potencial de los resultados obtenidos para ser utilizados en planes de manejo apícola y su aporte a la conservación de *Q. saponaria*, así como su utilidad para establecer relaciones entre la secreción de néctar y la contaminación por metales pesados.

FONDEF D031-1054, FONDECYT 1060535 a Gloria Montenegro.

## DIFERENCIACIÓN GENÉTICA DE ECOTIPOS CHILENOS DE *NOTHOFAGUS ANTARCTICA* (Genetical differentiation of Chilean ecotypes from *Nothofagus antarctica*).

Ramírez, C., Claudel, C., Veste, M. y Feuerer, T.

Instituto de Botánica, Universidad Austral de Chile; Biozentrum, University of Hamburg; Institute of Botany, University of Hohenheim.

La plasticidad fenotípica de las especies del género *Nothofagus* y su capacidad para formar híbridos naturales, suelen dificultar la sistemática del grupo. Para *Nothofagus antarctica* (Ñire o Ñirre) se han descrito varios morfotipos (¿ecotipos?) que colonizan diferentes lugares de condiciones extremas, en el centro-sur de Chile. Así, existe una forma arbórea que prospera en los suelos ñadis, otra achaparrada (Krummholz) que crece por sobre el límite del bosque, una forma arbustiva de mallines y una última forma subarbustiva (camefítica), propia de turberas pulviniformes subantárticas. Como los ensayos de aclimatación en el Jardín Botánico de la Universidad Austral de Chile, solo han tenido éxito con la forma arbórea, no ha sido imposible verificar si esta variabilidad morfológica está fijada genéticamente. Para dilucidar este problema se realizaron análisis de secuenciación de ADN en hojas colectadas en terreno, de las cuatro formas descritas de *Nothofagus antarctica*. Los resultados indican que se trata de una sola especie, sin variación genética y que por lo tanto, la presencia de morfotipos, estaría condicionada solo por el ambiente. Esto demuestra que la plasticidad del Ñire le permite compensar su baja capacidad de competencia, que lo desplaza a biotopos extremos.

Financiamiento de CONICYT/BMBF, Proyecto 080-4-2006.

## REGISTRO Y EVALUACIÓN DE LA VEGETACIÓN Y FLORA AUTÓCTONA EN LA CORDILLERA DE LA COSTA DE LA REGIÓN DEL MAULE, CHILE CENTRAL (Registry and evaluation of vegetation and flora autoctonomous in the mountain range of the coast of the Maule region, Central Chile).

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

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

La vegetación y flora nativa de la cordillera costera de la Región del Maule, históricamente, han sido objeto de uso antrópico y en la actualidad es sustituida con cambio de uso del suelo.

Con el objeto de determinar el patrón de distribución y evaluar el estado actual de la vegetación nativa y biocalidad de las especies se revisan los fragmentos de la cordillera costera maulina.

Aplicando el sondeo botánico rápido en unidades vegetacionales nativas tanto de áreas protegidas como fuera de ellas se registra la presencia con colecta de ejemplares.

Se encontró que los registros y colectas históricas no han sido uniformes siendo de urgencia ampliar la cobertura en nuevos sitios. Cada unidad vegetacional mantiene una diversidad específica propia y en el gradiente latitudinal el remplazo de las especies es gradual no así cuando el sitio bruscamente cambia de seco a húmedo o seco-acuático. Se concluye que las especies poblacionalmente subrepresentadas necesitan de medidas de protección y que otras raras, endémicas o con límites distribucionales en el área están fuera de las unidades protegidas.

Agradecimientos Proyecto Initiative Darwin Ref 669 y Universidad de Oxford, RU.

## MECANISMOS FISIOLÓGICOS DE TOLERANCIA AL ANEGAMIENTO EN DOS *NOTHOFAGUS* SIEMPRE VERDES (*N. NITIDA* Y *N. DOMBEYI*). Physiological traits of waterlogging tolerance in two evergreen *Nothofagus* species (*N. nitida* y *N. dombeyi*).

Zúñiga-Feest, A., Quitral, Y., Delgado, M., Vásquez, P. y Alberdi, M.

Instituto de Geociencias, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Campus Isla Teja, Valdivia. alejandrazuniga@uach.cl

El anegamiento genera estrés en las plantas por disminución (hipoxia) o ausencia de oxígeno (anoxia), afectando el metabolismo, el crecimiento y la sobrevivencia de las plantas. Se sabe que plantas tolerantes presentan adaptaciones anatómicas que aumentan la difusión de oxígeno al interior de sus tejidos. Sin embargo los mecanismos fisiológicos de tolerancia han sido poco estudiados. *N. dombeyi* y *N. nitida* presentan respuestas contrastantes al estrés por anegamiento. *N. nitida* se aclimata al anegamiento, manteniendo un mejor desempeño fotosintético y reteniendo su follaje. Se estudió el posible rol de la distribución de carbohidratos no estructurales (azúcares solubles: AST y almidón: A) y la actividad antioxidante (superóxido dismutasa: SOD) en las raíces de plantas sometidas a anegamiento por dos meses. Plántulas de ambas especies fueron mantenidas en invernadero, en riego normal (N), anegamiento intermitente (AI) o anegamiento permanente (AP). La actividad SOD aumentó solo en *N. nitida* en AI. Los AST en las raíces de ambas especies disminuyen durante el anegamiento, siendo no detectables al final del experimento. Solo en *N. nitida* los AST aumentaron en las hojas de plantas anegadas, lo que se podría relacionar con la mantención de la actividad fotosintética durante el anegamiento. El contenido de almidón no presentó variaciones significativas entre especies, ni entre tratamientos. Se discute el posible rol del aumento de la actividad SOD inducida por AI en *N. nitida*, como mecanismo fisiológico de tolerancia y/o señalización de estrés por anegamiento. DID UACH S-200552.

**CIANOLÍQUENES EPIFÍTICOS:  
INDICADORES DE LA SALUBRIDAD DE UN  
ECOSISTEMA FORESTAL, PARQUE  
KATALAPI, X REGIÓN, CHILE (Epiphytic  
Cyanolichens: indicators of forest ecosystem  
health, Katalapi Park, X region, Chile).**

**Pereira, I.<sup>1</sup>, Aldana, F.<sup>2</sup> y Ramírez, C.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> Instituto Biología Vegetal y Biotecnología. <sup>2</sup> Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Talca, Talca, Chile.

Los cianolíquenes en ecosistemas naturales son considerados un buen indicador del estado de conservación de estos, ya que, son muy sensibles a la contaminación atmosférica y destrucción del hábitat. Por ello, el propósito de este estudio fue conocer el actual estado de conservación de estos en el Parque mediante la realización un monitoreo por parcelas registrando su diversidad, frecuencia y abundancia. 15 parcelas fueron establecidas, cada una de 400 m<sup>2</sup>. En cada parcela, 10 forófitos fueron investigados, los cuales fueron marcados, medido su DAP y georreferenciados. La frecuencia de cada cianolíquen fue registrada en cada forófito dentro de cada parcela. La abundancia de cada especie por parcela fue estimada mediante una escala preestablecida. El monitoreo por parcelas de estos líquenes en el Parque, permitirá contar con una base de datos para conocer la salubridad actual y futura del bosque como asimismo conocer efectos del cambio climático reflejados en la frecuencia y abundancia de estos y eventual aparición de nuevas especies en el área. Esto ayudará a la valoración de su estado, a la planificación de su conservación y monitoreo a largo plazo. Se propone remuestrear cada 5 años, usando la misma metodología.

**INTERACCIÓN DE LA LUZ Y EL AGUA EN  
EL ESTABLECIMIENTO DE ARBUSTOS EN  
ZONAS ÁRIDAS (Interaction between light  
and water in the establishment of shrubs in  
arid zones).**

**Squeo, F.A. y Martínez, K.P.**

Departamento Biología, Universidad de La Serena; Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA) e Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).  
f\_squeo@userena.cl

El agua es el principal factor limitante en zonas áridas por lo que se ha planteado que el establecimiento de plántulas bajo el dosel de los arbustos podría resultar beneficioso. Sin embargo, este microambiente favorable hídricamente puede estar asociado a limitación lumínica. Se plantea que existe una interacción entre ambos recursos durante el establecimiento, considerando que los mecanismos fisiológicos de tolerancia a la sombra se oponen a los de tolerancia a la sequía. Se evaluó en terreno (Quebrada Romeral, 29°43'S-71°14'O, 300 msnm) el efecto del sombreado (6, 12 y 88% de la radiación ambiental) y la disponibilidad de agua (0 y 100 mm, más 55 mm de precipitación natural) sobre la sobrevivencia y crecimiento de plántulas de seis especies arbustivas nativas del norte-centro de Chile. Se encontró interacción luz x agua en sobrevivencia y crecimiento. Con baja disponibilidad de agua, el óptimo de sobrevivencia de las plántulas de todas las especies se alcanzó con niveles intermedios de radiación. En cambio, en el tratamiento con 155 mm de agua, la sobrevivencia se independizó del nivel de radiación. El crecimiento fue mayor con baja radiación respecto a radiación intermedia solo con alta disponibilidad de agua. Las menores tasas de fotosíntesis máxima se encontraron en plántulas crecidas en baja radiación.

Financiamiento: FONDECYT 1.071.012, Compañía Minera del Pacífico e IEB (Contrato P05-002ICM).

## MICROBIOLOGÍA-GENÉTICA- INMUNOLOGÍA-MISCELÁNEO

### CK2 DE *S. POMBE* ES REQUERIDO PARA TRANSCRIPCIÓN DEL PROMOTOR TATA-LESS NMT1 (CK2 is required for transcription of TATA-less promoters)

Urbina, F., Contreras-Levicoy, J. y Maldonado, E.

Facultad de Medicina, Instituto de Ciencias Biomédicas, Programa de Biología Celular y Molecular, Universidad de Chile.

Los factores necesarios para la transcripción de genes que poseen un promotor con solo un Iniciador no son conocidos hasta ahora. Nosotros estudiamos el promotor del gen *nmt1* de *S. pombe* al cual se le ha deletado la TATA box, dejando solo el Iniciador. Experimentos de reconstitución de la transcripción con factores puros nos ha permitido concluir que CK2 $\alpha$  es requerido para la transcripción del promotor *nmt1*. También, CK2 $\alpha$  fosforila al factor positivo PC4, que contribuye a la transcripción de *nmt1*. Se están realizando experimentos para estudiar el rol regulatorio de CK2 $\beta$  en la transcripción de *nmt1*.

Proyecto Financiado por FONDECYT 1050475.

### EFECTO ANTITUMORAL DE LA MICROCINA E492 EN UN MODELO DE CÁNCER DE COLON HUMANO (Antitumoral effect of microcin E492 in a human model of colon carcinoma)

García, V.<sup>1</sup>, Soto, C.<sup>1,2</sup> y Lagos, R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile casilla 653, Santiago, Chile; <sup>2</sup> University of Texas, Medical Branch, Galveston, Texas, USA.

La microcina E492 es una bacteriocina formadora de poros producida por *Klebsiella pneumoniae*. Se ha descrito que la microcina E492 es capaz de formar fibras amiloides y que estas fibras son inactivas sobre bacterias, pero producen un efecto citotóxico preferentemente en líneas celulares tumorales.

Se caracterizó el efecto citotóxico de las fibras de microcina en diversas líneas tumorales humanas (HT29, HCT116 y BxCP3) y se eligió un carcinoma de colon como modelo de estudio, pues este cáncer es de alta incidencia y de difícil tratamiento. Se realizaron estudios "xenografts",

usando ratones "nude". Los resultados de estos experimentos muestran que las fibras de microcina E492 son capaces de disminuir tanto el volumen como la masa de los tumores cuando es administrada por vía intratumoral (5 mg/Kg). En algunos de los ratones tratados se observó remisión total de los tumores. Un efecto similar es observado cuando la microcina es administrada por vía oral (50mg/kg). Estos resultados indican una nueva actividad de las fibras de microcina como agente antitumoral, las cuales además presentan actividad al ser administradas por vía oral. Esto último representa una ventaja en el posible uso de esta bacteriocina en el tratamiento del cáncer.

FONDECYT 7020757 y 1061128.

### LAS CÉLULAS INFECTADAS CON HTLV-I SECRETAN PRODUCTOS QUE INFLUYEN EN LA MORFOLOGÍA NEURONAL (Cells infected by HTLV-I secrete products that influence the neuronal morphology).

Cruz, C.<sup>1</sup>, Ramírez, E.<sup>2</sup>, Vera, J.C.<sup>3</sup>, Caviedes, P.<sup>4</sup> y Valenzuela, M.A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. <sup>2</sup> Instituto de Salud Pública. <sup>3</sup> Departamento de Fisiopatología, Universidad de Concepción. <sup>4</sup> ICBM, Facultad Medicina, Universidad Chile.

El HTLV-I es un retrovirus que infecta linfocitos y que causa una enfermedad neurodegenerativa de los axones motores del haz corticoespinal conocida como Paraparesia Espástica Tropical o mielopatía asociada al HTLV-1 (TSP/HAM). En el presente trabajo se muestra que diferentes células neuronales, que expresan Tau, neurofilamentos y GLUT-1 (este último reportado como receptor para HTLV-I) tratadas con ácido retinoico o NGF para producir elongamiento de neuritas, tienden a modificar su forma cuando se las desafía con medio condicionado por las células MT-2, que son una línea linfocitaria infectada establemente por HTLV-I. Esta misma tendencia a la modificación se encuentra en células de feocromocitoma PC12 diferenciadas a un fenotipo neuronal sobre colágeno tipo I estimuladas con los productos secretados por los linfocitos MT-2. Como este efecto probablemente se debe a la presencia de proteínas virales en el medio condicionado, se genera una nueva hipótesis patogénica para la pérdida de axones motores de TSP/HAM.

Financiamiento: Fondecyt 105-0784; MECESUP UCH 0115.



## EVALUACIÓN DE LA VIRULENCIA DE AISLADOS CHILENOS DEL VIRUS DE LA NECROSIS PANCREÁTICA INFECCIOSA (Virulence evaluation of Chilean isolates of infectious pancreatic necrosis virus).

Ortega, C.<sup>1</sup>, Enríquez, R.<sup>1</sup>, Monrás, M.<sup>1</sup>, Rodríguez, S.<sup>3</sup>, Kuznar, J.<sup>2</sup>, Espinoza, J.<sup>2</sup> y Romero, A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias UACH. <sup>2</sup> Instituto de Ciencias Biológicas y Químicas Facultad de Ciencias Universidad de Valparaíso. <sup>3</sup> Departamento de Microbiología Molecular CSIC-España.

La virulencia de IPNV se ha asociado a la proteína estructural VP2, relacionada con antigenicidad y al polipéptido no estructural VP5, con actividad antiapoptótica. Al evaluar el efecto de tres aislados de IPNV (V70, V112 y 33-34) sobre células CHSE-214, se observó que células infectadas con V70 presentaron menor sobrevivencia. Estos resultados se complementaron con ensayos de citotoxicidad, confirmando a V70 como aislado de mayor virulencia. Serológicamente, V70 y V112 claramente corresponden al serotipo Sp y el aislado 33-34 presentó reacción cruzada con Sp/VR-299. Sin embargo, la secuencia aminoacídica de VP2 reveló que V70 y V112 corresponderían a la cepa de referencia Sp y VR-299 respectivamente, evidenciando además diferencias en la región hipervariable, específicamente en residuos Thr217 y Ala221 implicados en la virulencia. En el caso de VP5, V70 y 33-34 no presentan diferencias en dominios de homología con la proteína antiapoptótica Bcl2. En este sentido, se comprobó que menos del 2% de células expuestas a los virus mueren por apoptosis, no reflejando diferencias entre los aislados. Estos resultados sugieren que la virulencia de IPNV no determina la forma de muerte celular. Proyecto: Acción complementaria España/CSIC-Chile/UACH.

## AISLAMIENTO DE BACTERIAS ARSENITO-OXIDANTES DESDE UNA BIOPELÍCULA NATURAL (Isolation of oxidizing-arsenite bacteria from natural biofilm).

Campos, V.<sup>1,4</sup>, Valenzuela, C.<sup>1</sup>, Zaror, C.<sup>2</sup>, Yáñez, J.<sup>3</sup> y Mondaca, M.A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de microbiología. <sup>2</sup> Departamento de Ingeniería Química. <sup>3</sup> Departamento de Química analítica e inorgánica. <sup>4</sup> Centro EULA-CHILE. Universidad de Concepción. Patrocinio: Oscar Parra.

El arsénico se encuentra en estado natural en rocas, suelo, agua, aire y es liberado al ambiente mediante fenómenos naturales, como erupciones volcánicas y erosión de las rocas. La presencia de microorganismos en sistemas contaminados es esencial para la estabilidad del ecosistema, por el rol que cumplen en los procesos biológicos. El objetivo fue aislar bacterias resistentes a arsénito, desde muestras de rocas volcánicas. Las rocas fueron cultivadas en medio mineral adicionado con arsenito

(500 ug/ml) durante 7 días a temperatura ambiente. Las cepas fueron aisladas en diferentes medios e identificadas mediante el sistema Rapid™ NF plus. La capacidad de transformar arsénico fue evaluada mediante ensayos con AgNO<sub>3</sub>, HPLC/HG/ASS y por la detección de genes *aox*. Se aislaron bacilos Gram negativos, identificados como *Pseudomonas alcaligenes* y *Ralstonia solanaceum*, tolerantes a concentraciones >8 mM de As(III) y 4 bacilos sensibles al metaloide. No se detectó la presencia de genes *aox*, indicando que la oxidación de As(III) estaría codificada por de otros genes. Análisis de HPLC/HG/ASS demostraron que las cepas tolerantes oxidan alrededor del 75% del As(III), luego de 3 días de incubación. La capacidad de oxidar arsenito de las cepas aisladas, favorecía la colonización de otras especies no tolerantes arsénico importante en los ciclos biogeoquímicos.

Fondecyt 1050088.

## SUPLEMENTACIÓN DIETARIA CON SELENIO: IDENTIFICACIÓN DE NUEVOS BIOINDICADORES METABÓLICO (Selenium supplementation: identification of new metabolic biomarkers).

Mahn, A.<sup>1</sup>, Tittarelli, A.<sup>2</sup>, Rincón, R.<sup>2</sup>, Ruz, M.<sup>2</sup> y Toledo, H.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Ingeniería Química, Santiago, Chile. <sup>2</sup> Facultad de Medicina, Universidad de Chile. amahn@usach.cl

El selenio es un nutriente esencial tanto para animales como humanos, ofreciendo importantes beneficios a la salud como la prevención de ciertos tipos de cáncer. La forma química de selenio ingerido resulta crucial para su rol quimiopreventivo. Las formas orgánicas de selenio son las más eficaces en este sentido, destacándose seleno-metil-selenocisteína (SeMSCys).

Se investigó el efecto de la suplementación dietaria con SeMSCys en cantidades supranutricionales sobre la expresión de proteínas en plasma sanguíneo de ratas, con respecto a una dieta control. Seis grupos experimentales y tres controles, consistentes en seis ratas por cada grupo, fueron alimentados utilizando distintas estrategias de suplementación, las que difirían en la concentración de SeMSCys y el tiempo de suplementación. El plasma sanguíneo de las ratas fue analizado mediante electroforesis bidimensional, realizándose un análisis estadístico para determinar diferencias significativas en la expresión de proteínas. Aquellas proteínas sobreexpresadas en las condiciones experimentales fueron identificadas mediante espectrometría de masas.

Se observó que apolipoproteína E, transtiretina, haptoglobina y  $\alpha$ -1-antitripsina se sobreexpresaban en las condiciones experimentales.

En conclusión, la suplementación nutricional con SeMSCys se refleja como la expresión diferencial de algunas proteínas plasmáticas, las que podrían ser propuestas como posibles bioindicadores del status metabólico del selenio.

Patrocinio Proyecto Fondecyt N°1061154.

**HDL INHIBE LA EXPRESIÓN DE CITOQUINAS PRO INFLAMATORIAS Y EL ESTALLIDO RESPIRATORIO EN LEUCOCITOS DE PRONEFROS DE TRUCHA ARCO IRIS (*ONCORHYNCHUS MYKISS*) (HDL inhibits pro-inflammatory cytokine expression and oxidative burst in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) head kidney leukocytes).**

**Casado, A.<sup>2</sup>, Villarroel, F.<sup>1</sup>, Amthauer, R.<sup>1</sup> y Concha, M.I.<sup>1</sup>**

Instituto de Bioquímica <sup>1</sup> Programa Doctorado en Ciencias Veterinarias <sup>2</sup>, Universidad Austral de Chile, Valdivia.

A diferencia de los mamíferos, los peces teleosteos poseen un sistema inmune adquirido menos desarrollado y altamente influenciado por cambios ambientales. Por ello, la respuesta inmune innata juega un papel determinante en la defensa de los peces contra microorganismos patógenos. En trucha arco iris, HDL (lipoproteína de alta densidad) es un componente plasmático mayoritario y su principal apolipoproteína, ApoA-I, presenta actividad antibacteriana y es expresada en barreras defensivas primarias y otros tejidos inmunorrelevantes tales como piel, intestino, branquias, bazo y pronefros. El presente trabajo muestra que la preincubación de leucocitos de pronefros con concentraciones subfisiológicas de HDL previene la posterior inducción por LPS de la expresión de las citoquinas pro inflamatorias, TNF- $\alpha$ 1 e IL-1 $\beta$  y de la proteína de fase aguda, A-SAA. Además, HDL inhibió en forma dosis-dependiente, la inducción por PMA del estallido respiratorio en leucocitos de pronefros. Más aún, esta inhibición fue de mayor magnitud que la producida por una concentración suprafisiológica de astaxantina, pigmento transportado por HDL en salmónidos. Estos resultados constituyen la primera evidencia que sugiere que además de su actividad antimicrobiana, HDL juega un papel inmunomodulador en salmónidos.

Fondecyt 1050637 y DID D2005-13.

**CARACTERIZACIÓN BIOLÓGICA Y MOLECULAR DE ISOFORMAS DE ESFINGOMIELINASA D DE *LOXOSCELES LAETA* (Biological and Molecular characterization of sphingomyelinase D from *Loxosceles laeta*).**

**Catalán, A.<sup>1</sup>, Orrego, P.<sup>1</sup>, González, J.<sup>1</sup>, Claudia, L.<sup>2</sup>, Vásquez, A.<sup>2</sup>, Sagua, H.<sup>1</sup> y Araya, J.E.<sup>1,\*</sup>**

<sup>1</sup> Unidad de Parasitología Molecular, Universidad de Antofagasta. <sup>2</sup> Unidad de Biotecnología e Inmunobiológicos, Instituto de Salud Pública. [jearayar@uantof.cl](mailto:jearayar@uantof.cl)\*

El veneno de *Loxosceles laeta* (araña de los rincones) es hemolítico, vasculítico y dermonecrotico. Dentro de sus componentes se ha descrito la Esfingomielinasa D, la cual además se encuentra en muy pocas bacterias patogénicas. Estudios previos muestran que la ponzoña de *L. laeta* chilena presenta mayor toxicidad que la observada en otras arañas del orden *Sicariidae*.

Con el objetivo de estudiar a nivel molecular y biológico la Esfingomielinasa D (SmaD) de *L. laeta* chilena, se extrajeron glándulas de veneno del arácnido, de las cuales se aisló mRNA para construir genotecas de cDNA. Las genotecas fueron tamizadas mediante sondas sintetizadas por PCR, empleando partidores deducidos de genes SmaD ya descritos. Varios clones fueron aislados y caracterizados molecularmente. Ellos presentaron una alta homología (91-97%) tanto entre sí como con genes ya descritos en la literatura. Todos ellos codificaron para SmaD, presentando los dominios característicos de la proteína. Finalmente, los insertos clonados de estos genes, fueron expresados en *E. coli* y las proteínas recombinantes evaluadas *in vivo*. Todas ellas presentaron actividad dermonecrotica cuando fueron inoculadas en la dermis de conejos neozelandeses. En conclusión, los genes clonados y caracterizados pertenecen a una misma familia génica, correspondiendo a diferentes isoformas funcionales de la proteína SmaD.

Financiamiento: FONDEF N° D04I1247.