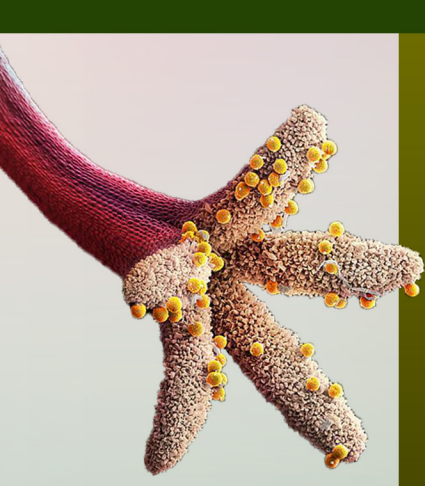




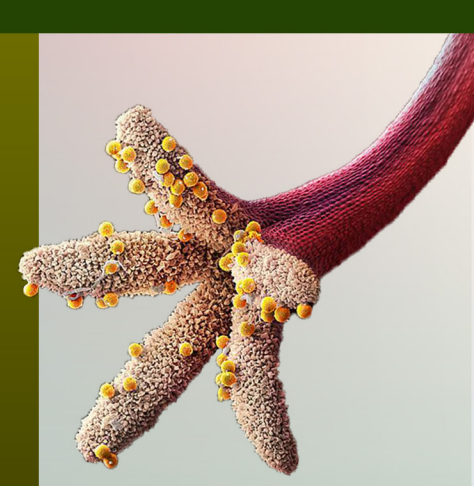
LVII REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE

XLVII REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE

VIII REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

XXI REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE

XXV REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE BOTÁNICA DE CHILE



25, 26 y 27 DE NOVIEMBRE 2014

Hotel Patagónico- Puerto Varas

Auspiciadores

Gene X-Press

Patrocinantes



Facultad de Ciencias, Universidad de Chile

Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile

Fundación Chilena Para Biología Celular

BioMed Central (BMC) Springer Open

Red Latinoamericana de Ciencias Biológicas (RELAB)

4ID

Conferencias

SOCIEDAD DE BIOLOGIA DE CHILE CONFERENCIA INAUGURAL

EVOLUTION OF THE ANIMAL FACE: FROM PRINCIPLES TO MECHANISMS

Abzhanov, A¹., ¹Organismic and Developmental Biology, Biology, Harvard University.

Understanding the origins of animal diversity is one of the chief challenges to the modern biological sciences. We aim to reveal precise molecular mechanisms underlying evolutionary processes that generate morphological variation, and to show how particular changes in embryonic development can produce morphological alterations for natural selection to act upon. The principal focus for our studies is on the animal face and head. Cranial diversity in vertebrates (fishes, amphibians, reptiles, birds and mammals) is a particularly inviting and challenging research topic as animal heads and faces show many dramatic, unique and adaptive features which reflect their natural history. Most of the facial diversity depends on the shapes and sizes of the bones and cartilages that make up the cranial skeleton. I will describe how our investigations of craniofacial skeletal development in “model” (laboratory-bred species, such as mice and chicken embryos) and “non-model” (wild species) animals are helping us to uncover developmental mechanisms that generated cranial diversity during evolution. In particular, we employ a synergistic combination of morphometrics techniques, comparative molecular embryology and functional experimentation methods to trace cranial evolution in birds and mammals, some of the most charismatic groups on our planet.

SOCIEDAD DE BIOLOGIA DE CHILE CONFERENCIA DR. HERMANN NIEMEYER

INVESTIGANDO PREGUNTAS CLAVES EN LA BIOLOGÍA DE REPRODUCCIÓN EN PLANTAS EN LA ALTA CORDILLERA DE LOS ANDES DE AMÉRICA DEL SUR. (Investigating key questions in plant reproductive biology in the high Andes of South America)

Arroyo, M¹. ¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Universidad de Chile.

Una de las ideas de Charles Darwin más investigada en la actualidad es que los sistemas de reproducción de las plantas con fuerte dependencia de polinizadores no serían viables en ambientes en donde los polinizadores son escasos, lo que redundaría en la adquisición de la autogamia autónoma como un mecanismo de aseguramiento reproductivo. En los Andes patagónicos, de Chile central y del norte de Chile, hemos documentado una regla ecológica general consistente en que las tasas de polinización decaen a medida que aumenta la altitud. Sin embargo en base de la determinación de los sistemas de reproducción para más de 100 especies de plantas en los Andes patagónicos no obtuvimos apoyo para la hipótesis de Darwin. Un segundo estudio de la misma magnitud en curso en los Andes de Chile central indica una diversidad de sistemas de reproducción incluyendo muchas especies altamente dependientes de agentes de polinización. Como hipótesis alternativa a la de Darwin hemos propuesto que las plantas de altamontaña presenten rasgos que compensan las bajas tasas de polinización, como por ejemplo, mayor longevidad floral y adquisición de polinización por viento. Dichas tendencias son esperables en las floras de altamontaña mundialmente y tal vez en otros hábitats donde los polinizadores son escasos.

SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE CONFERENCIA DR. DANKO BRNCIC

DESDE LA GENÉTICA MOLECULAR A LA PATOLOGÍA HUMANA (From the Molecular Genetic to the Human Pathology)

Jara, L¹, ¹Instituto de Ciencias Biomédicas, Medicina, Universidad de Chile.

Los avances de la Genética han sido fuente de importantes innovaciones en el cuidado de la salud humana, y un elemento de gran presencia en los medios de comunicación y en la imagería humana. El conocimiento de las bases genético moleculares de las enfermedades constituye la base de la medicina traslacional, aplicada al diagnóstico, prevención, asesoramiento genético y tratamiento de las patologías humanas. Esta trayectoria se inició con la búsqueda de factores genéticos involucrados en la etiología de la fisura labiopalatina no sindrómica. Posteriormente se continuó estudiando con técnicas moleculares el síndrome de X-frágil, lo que permitió realizar el primer diagnóstico molecular de X-frágil en Chile. Desde el año 1999 dediqué mi trabajo científico al estudio de la genética molecular del cáncer de mama (CM) familiar, identificando mutaciones prevalentes en los genes BRCA1 y BRCA2 en población Chilena y analizando la contribución de variantes en genes de moderada y baja penetrancia a la etiología genético molecular de esta entidad clínica. La existencia de un 75% de pacientes con CM familiar y BRCA-negativos ha generado nuevas preguntas en relación con sus bases genéticas. Además la Genética pone en primer plano la importancia de las diferencias interindividuales (medicina individualizada), por lo cual ha sido importante estudiar la variabilidad en población Chilena. La Medicina Genómica es una nueva forma de hacer medicina en la que se tiene en cuenta el perfil genético del paciente para optimizar el diagnóstico, la prevención y el tratamiento de los pacientes y sus familias.

FONDECYT 1110081

CONFERENCIA RED LATINOAMERICANA DE CIENCIAS BIOLÓGICAS (RELAB)

MITO Y REALIDAD DE LA CRISIS GLOBAL DE POLINIZACIÓN (Myth and reality of the global pollination crisis)

Aizen, M.¹, ¹Laboratorio Ecotono - Departamento de Ecoología, Centro Regional Universitario Bariloche, Universidad Nacional del Comahue.

Los polinizadores estarían declinando a nivel mundial como resultado de una degradación ambiental generalizada. Esta declinación podría traer aparejada una crisis global de polinización ya que una parte sustancial de nuestra dieta dependería directa o indirectamente de los polinizadores. En base a datos de largo plazo recolectados por la FAO (\\\"Food and Agriculture Organization\\\"), evaluó la existencia de esta crisis y de sus supuestos. Primero, aunque todavía no es posible establecer una tendencia global de cambio en la diversidad y abundancia de polinizadores silvestres, la base de datos analizada revela que el número de colmenas de la abeja melífera (*Apis mellifera*), el principal polinizador domesticado, se ha incrementado en casi un 50% a nivel mundial durante las últimas cinco décadas. Segundo, el análisis también demuestra que si bien más de una tercera parte de la producción agrícola mundial está representada por cultivos que dependen de polinizadores, el decrecimiento de la producción global en ausencia total de abejas sería alrededor de sólo el 6% debido a la dependencia parcial de la mayoría estos cultivos. Finalmente, no se encuentra evidencia de que el crecimiento en el rendimiento de los cultivos dependientes de polinizadores se haya desacelerado durante las últimas décadas, aunque sí es verdad que estos cultivos presentan en promedio un crecimiento menor y más variable que los que no dependen de polinizadores. Se concluye que afirmaciones simplistas sobre la existencia de una crisis global de polinización son básicamente falsas. Sin embargo, la agricultura global podría enfrentar serios problemas de polinización en un futuro próximo debido a la expansión acelerada de cultivos que dependen de polinizadores que se ha producido en las últimas décadas.

CONFERENCIA SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

DE LA TAXONOMÍA A LA SISTEMÁTICA EN LA HERPETOLOGÍA CHILENA (From the taxonomy to the systematic in the Chilean herpetology.)

Ortiz, J¹., ¹Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

Las primeras nociones sobre la herpetofauna chilena se realizan a partir de material recolectado por naturalistas viajeros de siglo XIX y estudiado en los Museos europeos, especialmente en Londres y París. Estos ejemplares llegaban muchas veces con datos muy generales y sin ninguna información sobre su biología y ecología lo cual provocaba que bajo el imperio del concepto tipológico de especie se describieran muchas entidades sinonímicas. A lo anterior se debe agregar que los lugares de proveniencia eran vagos y muchas veces errados por desconocimiento de la geografías de estas tierras. Luego en la primera mitad del siglo veinte se desarrollan los conceptos de variedad y raza geográfica de donde nace una proliferación de entidades taxonómicas subespecíficas, que se mantienen hasta las postrimerías de este. Por su lado, la sistemática basada en “sistemas naturales” aplicaba diferentes índices de similitud que trataban de explicar las afinidades evolutivas existentes en nuestras especies por diferentes técnicas de resolución que consideraban datos merísticos, morfométricos, ecológicos, cariotípicos y/o isoenzimáticos. En la actualidad nuestra última aproximación es la de la sistemática filogenética que trata de entender las relaciones evolutiva de nuestros herpetozoos basados fundamentalmente en datos moleculares de ancestro descendencia apoyados con una fuerte base matemática.

Fondecyt 1131009

CONFERENCIA SOCIEDAD DE ECOLOGIA DE CHILE-SOCIEDAD DE BOTÁNICA DE CHILE

ECOLOGICAL AND EVOLUTIONARY CONSERQUENCES OF THE ANTROPOCENE DEFAUNATION (Ecological and evolutionary consequences of the Antropocene defaunation)

Galetti, M¹., ¹Ecologia, Biologia, Universidade Estadual Paulista.

We live amid a global wave of anthropogenically driven biodiversity loss: species and population extirpations and, critically, declines in local species abundance. The population of several large-bodied vertebrates such as tapirs, elephants, large primates are declining worldwide. Such animal declines will cascade onto ecosystem functioning, services and human well-being. In this talk I will discuss (1) the magnitude of the defaunation, (2) the selective size bias on the animals target by defaunation and (3) present examples on ecological and evolutionary consequences of Antropocene defaunation. Clearly, defaunation is both a pervasive component of the planet's sixth mass extinction and also a major driver of global ecological change.

CONFERENCIA

SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

STRUCTURED POPULATIONS: FROM LANDSCAPE GENETICS TO ASSORTATIVE MATING.

Beerli, P¹., ¹Scientific Computing, Arts and Sciences, Florida State University.

A species is commonly not uniformly distributed in the landscape and consist often of weakly connected randomly mating populations. For many research questions we need to understand this population structure. Since many years, researchers use methods to deliver summary statistics to assess the degree of structure, often without using an explicit population genetic model. Only recently, we are able to quantify this structure within population genetic models. Commonly we think of structure in a geographic context, but we may also consider models that allow for structure caused by assortative mating or other forces. I will give examples of such analysis and the problems one may face when we move from the simple observation that a population 'structured' or 'not structured' to detailed analyses of magnitude and form of the structure. These models are still crude, and researchers would prefer population models that mimic the evolutionary history of the natural world. Although desirable, such models will not be attainable because we do not have enough information about the past, despite the potential access to whole genome data. But, how good need our models to be to help us to retrieve information from the genetic data?

Simposios

SIMPOSIO

CÁNCER Y REPRODUCCION

Coodinador: Enrique Castellón

ROL DE ADAM-17 EN LOS PROCESOS POST-TRADUCCIONALES DE LOS RECEPTORES TRKA Y P75 EN CÁNCER OVÁRICO EPITELIAL (Role of ADAM-17 in post-translational processes on TRKA and P75 receptors in Epithelial Ovarian Cancer)

Romero, C¹., ¹Obstetricia y Ginecología, Medicina, Universidad de Chile.

Durante la progresión del cáncer ovárico epitelial (COE) encontramos un aumento en la expresión de NGF, TRKA y p-TRKA (receptor de alta afinidad) tanto en células epiteliales como endoteliales del COE. La activación de TRKA por NGF aumenta proliferación y angiogénesis en COE. Adicionalmente, la proteasa ADAM17 está aumentada, presentando una correlación positiva con pTRKA. En otros tejidos, ADAM17 corta ectodominios de los receptores TRKA y P75 (receptor de baja afinidad de NGF). Interesantemente, P75 disminuye con la progresión del COE. Al evaluar si ADAM17 corta el dominio extracelular de P75 en líneas celulares del epitelio de ovario normal (HOSE) y de cáncer ovárico epitelial (A2780), tratadas con NGF, GW441756 y TAPI-0 (inhibidor de TRKA y ADAM17 respectivamente), se encontró que en ambos tipos celulares la activación de TRKA por NGF disminuye los niveles de P75 y con NGF + GW441756 o solamente GW441756, los niveles de P75 vuelven a los niveles basales. Resultados similares se encontraron por ICQ al usar un anticuerpo que detecta el dominio extracelular de P75. Con TAPI-0 y TAPI-0 + NGF, revierten el efecto de NGF en los niveles del receptor P75 por ICQ y WB en ambas líneas celulares, indicando la activación de ADAM17. Al realizar los W-B de pTRKA en las líneas celulares tratadas con TAPI-0 se obtuvieron varias isoformas de distintos pesos moleculares; las isoformas de mayor peso molecular aumentadas y las de menor peso molecular disminuidas, respecto del basal, sugiriendo que ADAM17 también podría cortar ectodominios de TRKA. Estos resultados sugieren que ADAM-17 estaría involucrada en cambios post-traduccionales de los receptores TRKA y P75 en COE.

Este trabajo fue financiado por Proyecto Fondecyt Nº 1110372

RESISTENCIA A HORMONO Y QUIMIOTERAPIA EN CÁNCER DE PRÓSTATA: PARTICIPACIÓN DE CÉLULAS TRONCALES TUMORALES (Homone and chemotherapy resistance in prostate cancer: Participation of cancer stem cells)

Castellón, E.A.¹., Valenzuela, Rodrigo¹., Cifuentes, Federico¹., Castillo, Viviana¹., Contreras, Héctor R.¹., ¹Programa de Fisiología y Biofísica. ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

El cáncer prostático (CaP) es una de las principales causas de muerte oncológica en hombres en el mundo. En su etapa inicial localizada el tratamiento quirúrgico y la radioterapia son las principales opciones. En su etapa diseminada, la hormonoterapia y, en menor grado, la quimioterapia son los tratamientos disponibles. La etapa castración-resistente y la alta resistencia a la quimioterapia del CaP son los principales problemas clínicos. Se ha demostrado en varios tipos de cáncer, incluido el CaP, que la existencia de una población celular con características de pluripotencialidad (cancer stem cells, CSCs) serían las responsables de la recurrencia, metástasis y resistencia a tratamientos. En nuestro laboratorio hemos aislado y caracterizado una población de CSCs a partir de muestras tumorales de CaP y hemos determinados sus características moleculares y funcionales. Utilizando micro arreglos de biopsias, cultivos celulares y

modelos ortotópicos pre-clínicos hemos evidenciado la participación de estas CSCs en la resistencia a hormono y quimioterapia. La sobre-expresión de transportadores ABC y particularmente ABCG2 están involucrados en la resistencia a drogas quimioterapéuticas. La re-expresión de receptores de GnRH en las CSCs sensibiliza a estas células a la terapia con los análogos de este neuropéptido. Los resultados sugieren a estas moléculas como potenciales blancos terapéuticos en el manejo del CaP.

Proyectos Fondecyt 1100183 y 1140417

LAS PLAQUETAS, AYUDANTES DE LA METASTASIS DEL CANCER DE OVARIO (Platelets: Helpers of Ovarian Metastasis)

Owen, G¹., ¹Fisiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Los pacientes con cáncer, en especial con cáncer de ovario, presentan un aumento en el número de plaquetas circulantes (trombocitosis), lo cual se ha correlacionado con metástasis y un peor pronóstico. No todas las células de un tumor tienen la capacidad de originar nuevos tumores, para ello, éstas deben adquirir características de Células Iniciadoras de Metástasis (CIMs). Durante el curso de nuestra investigación reportamos por primera vez la presencia de las plaquetas en las ascitis de las pacientes con cáncer de ovario avanzado. Mostramos que el tratamiento de las células de cáncer con plaquetas producen un cambio significativo en la morfología de las células de cáncer, adquiriendo un fenotipo de tipo mesenquimal, asociado a un aumento en la expresión de marcadores de CIMs y a un aumento en la capacidad de estas células de formar esferas. Adicionalmente, observamos que las plaquetas no sólo inducen un cambio morfológico, sino que también un cambio en la funcionalidad de las células de cáncer. Las plaquetas promovieron un aumento en la migración celular, ejerciendo a su vez un efecto quimio-atractivo sobre las mismas. Otro elemento correlacionado con la metástasis del cáncer de ovario es la expresión de Factor Tisular. Encontramos que las plaquetas no sólo son capaces de promover un fenotipo de CIMs sino que además, que este cambio está asociado a un aumento significativo en la expresión de Factor Tisular. Creemos que el estudio de los fenómenos de interacción de célula cancerígena-plaqueta podría proveer nuevos blancos terapéuticos para la reducción de metástasis tumorales y, por lo tanto, de la mortalidad del cáncer de ovario.

BMRC 13CTI-21526-P6, CONICYT-FONDAP 15130011, FONDECYT 1100870, CORFO 13IDL2-18608

SIMPOSIO

FLORA ANTÁRTICA: ECOFISIOLOGÍA Y METABOLISMO BAJO UN ESCENARIO DE CAMBIO GLOBAL

Coordinador: Angelica Casanova

CALENTAMIENTO IN SITU DE TIEMPO LARGO EN COMUNIDADES DE PLANTAS Y CRIPTOGAMAS ANTÁRTICAS: UNA SÍNTESIS DESPUÉS DE 6 AÑOS. (Long term in situ experimental warming of Antarctic plants communities: synthesis after six years)

Katny, M¹, Köhler, Hans², Zúñiga, Gustavo², ¹Microbiología, Cs. Biológicas, Universidad de Concepción. ²Biología, Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Local temperature rise at the Antarctic Peninsula has been the highest observed during the last 50 yrs on Earth and is still continuing. This increase will be affecting the Antarctic plant communities composed by lichen, mosses and vascular plants at different levels. Here we compare the ecophysiological responses of the three dominant functional groups of the Antarctic flora, under *in situ* passive warming experiments. In 2008 we installed Open Top Chamber (OTC) on Fildes Peninsula monitoring several growth and physiological parameters (carbohydrates, antioxidant enzyme and metabolites) of *Deschampsia antarctica*, two lichens and several moss species. Whereas in *D. antarctica* growth rate, biomass and spikes number were increased, in mosses and lichen only a slightly increase in percent cover was observed under warming. Two moss species increased the sporophyte number after growing in OTC. However, both in *D. antarctica* as in mosses, antioxidant activity was decreased and carbohydrates content was changed in both functional groups in the OTC, and in lichens an increase in phenolic compounds was found. Our results remarks the different responses of the three functional groups growing under warming and suggest that vascular plants and mosses are less stress under long term warming, decreasing the antioxidant responses, investing more towards primary productivity and sexual reproduction. In the case of lichen pattern are more complex and require long term observation. Our results indicate the need to maintain long term experiments considering several species for understand the complexity of the Antarctic plant and cryptogamic communities adaptations to the new global change scenario. FONDECYT 1120895, INACH FR0112, INACH T0307

RESPUESTAS ANTIOXIDANTES EN PLANTAS ANTÁRTICAS
(Antioxidants Responses Of Antarctic Plants)

Zúñiga, G¹, Pizarro, Marisol¹, Kohler, Hans ¹, Contreras, Rodrigo A.¹, ¹Biología, Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

En la región Antártica Marítima, la temperatura en verano y la disponibilidad hídrica, que afectan la biota terrestre, están cambiando rápidamente en los últimos años. Se ha reportado que ambas condiciones ambientales pueden inducir estrés oxidativo en plantas. En este trabajo, se comparan las respuestas antioxidantes (enzimáticas y no-enzimáticas) en las plantas vasculares *Deschampsia antarctica* and *Colobanthus quitensis* y en el musgo *Sanionia uncinata*. Las plantas fueron colectadas en la Península Fildes, cada 2 horas durante el día y usadas para evaluar parámetros fisiológicos tales como estatus oxidativo, enzimas antioxidantes, metabolitos secundarios y azúcares.

En los análisis realizados, no se detectaron cambios significativos en los niveles de lipoperoxidos en las especies estudiadas. En *D. antarctica* y *S. uncinata*, se observó un aumento en la actividad antioxidante (enzimática y no enzimática). Por el contrario en *C. quitensis*, sin bien no se observó lipoperoxidación, tampoco se observaron respuestas antioxidantes. Al

analizar los metabolitos secundarios se encontró que en *D. antarctica* y *S. uncinata*, estos presentan actividad atrapadora de radicales libres, mientras que en *C. quitensis*, se acumulan flavonas C-glicósidos que actúan como moléculas fotoprotectoras.

Nuestros resultados sugieren que las plantas antárticas presentan eficientes mecanismos que les permiten responder positivamente al cambio climático que afecta la región.

Proyecto FONDECYT 1140189

**DIRECT AND INDIRECT IMPACTS OF CLIMATE WARMING
ALONG THE ANTARCTIC PENINSULA**

Bokhorst, S¹, ¹Department of Arctic Ecology Norwegian Institute for Nature Research (NINA).

The maritime Antarctic, and particularly the western Antarctic Peninsula, has during recent decades been one of the fastest warming regions on Earth, with warming rates of up to 0.4 °C per decade. Both observational and experimental studies have shown this rapid warming to have had a tremendous impact on the diversity and functioning of Antarctic terrestrial ecosystems. However, the functioning of terrestrial Antarctic ecosystems is not only constrained by low temperatures, but also by low nutrient availability and nutrient addition studies have had strong and positive effects on Antarctic communities.

With the amelioration of the extreme Antarctic climate through climate change many of the terrestrial components are likely to change. But, simultaneously, the marine environment is also changing, with increases in the number of marine vertebrates and/or changes in their distribution patterns. Increasing populations of penguins and other birds on land may significantly increase the nutrient loading to terrestrial ecosystems but it is presently unknown if these **direct** and **indirect** effects of climate change will have a synergistic or antagonistic effects on the development of terrestrial ecosystems.

Here we show the results of a 10 year climate warming study on the terrestrial components of a moss and fell-field community on Signy Island and relate these findings to community changes driven by the proximity of penguin colonies.

**MONITORING TEMPORAL AND SPATIAL CHANGE IN EAST
ANTARCTIC TERRESTRIAL COMMUNITIES.**

Robinson, S. A¹, King, Diana¹, Malenovsky, Zbynek¹, Turnbull, Johanna¹, Waterman, Melinda¹, Bramley-Alves, Jessica¹, Lucieer, Arko², Hua, Quan³, ¹School of Biological Sciences, Science, Medicine and Health, University of Wollongong. ²School of Land and Food University of Tasmania. ³ANSTO Australian Nuclear Science and Technology Organisation.

Antarctica has experienced major changes in temperature, wind speed and stratospheric ozone over the last 50 years. Detecting the biological effects of Antarctic climate change has been hindered by the paucity of long-term data sets, particularly for organisms that have been exposed to these changes throughout their lives. We have shown that radiocarbon signals preserved along shoots of the dominant Antarctic moss flora can

be used to determine accurate growth rates over a period of several decades, allowing us to explore the influence of environmental variables on growth and providing a dramatic demonstration of the effects of the recent climate change. This work has revealed evidence of a drying trend in several of the extensive moss beds in the Windmill Islands region of East Antarctica. Developing methodologies to monitor key environmental drivers such as water availability and moss health parameters as well as species composition across larger spatial scales is a key aim of our research. Long-term monitoring of vegetation communities along a moisture gradient at two sites in East Antarctica commenced in 2003 using three complementary sampling regimes; turf water content, digitally determined broad-scale percent cover of vegetation and fine-scale relative species abundance, but these methodologies are labour intensive and limited to relatively small-scale plots. Recently we have incorporated the use of unmanned aerial vehicles and high spatial resolution imaging spectroscopy to develop efficient methodologies to monitor Antarctic vegetation health and composition at a larger scale. These technologies could be invaluable in an Antarctic terrestrial and near-shore observing network.

Australian Research Council DP110101714;Antarctic Science Grant 4046

SIMPOSIO SOCIEDAD DE BIOLOGIA DE CHILE

DINAMICA MOLECULAR DE LA PARED VEGETAL: ENSAMBLAJE Y DESENSAMBLAJE (PROYECTO ANILLO (CONICYT) ACT-1110)

Coordinador: Raúl Herrera

MODIFICACIÓN DEL METABOLISMO DE LA PARED CELULAR MEDIANTE LA SOBREEXPRESIÓN DE UN DOMINIO DE UNIÓN A CARBOHIDRATOS (CBM) DE EXPANSINA. (Modification of cell wall metabolism by overexpression of a Carbohydrate Binding Domain (CBM) from expansin).

Civello, P. M¹., Nardi, Cristina³, Villarreal, Natalia³, Escudero, Cristian³, Perini, Mauro¹, Sin, Ignacio¹, Powell, Ann², Martínez, Gustavo³, ¹INFIVE CONICET-UNLP. ²Plant Sciences University of California, Davis. ³IIB-INTECH CONICET-UNSAM. (Sponsored by Consejo Nacional de Investigaciones Científicas Y Técnicas)

La modificación de la pared celular es necesaria en numerosos procesos de crecimiento y desarrollo vegetal, tales como la germinación de polen y semillas, elongación de raíz y tallo, floración, expansión y división celular, abscisión, y ablandamiento de frutos. En la degradación y remodelación de la pared celular intervienen numerosas enzimas y proteínas. Un aspecto estructural común de la mayoría de ellas es su organización modular, que incluye un dominio catalítico característico de cada enzima y uno o más dominios o módulos de unión a carbohidratos (CBM). Estos últimos tienen la capacidad de unirse a los carbohidratos que constituyen el sustrato enzimático, facilitando la acción del dominio catalítico. La hipótesis del trabajo es que la sobreexpresión de un CBM apropiado en la pared celular permite bloquear los sitios disponibles para la unión de enzimas de degradación, dificultando su acción natural, lo cual disminuiría la degradación de la pared. En el caso de un fruto, esto podría afectar el consecuente ablandamiento.

En este trabajo se obtuvieron plantas transgénicas de *Arabidopsis thaliana* sobreexpresantes de un CBM de expansina de frutilla (CBM-FaEXP2) en la pared celular, y se caracterizó el efecto sobre el fenotipo de la planta, la actividad de enzimas y la expresión de genes relacionados al metabolismo de la pared celular. Asimismo, se discuten resultados preliminares obtenidos siguiendo una aproximación similar en plantas de *Fragaria vesca* y *Solanum lycopersicum*.

DEGRADACIÓN DE PARED CELULAR EN FRUTILLA: GENES CLAVES Y REGULACIÓN HORMONAL (Cell wall degradation in strawberry fruit: key genes and hormonal regulation)

Figuerola, C. R.¹., ¹Laboratorio de Epigenética Vegetal, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción.

Los frutos carnosos experimentan la degradación enzimática de la pared celular durante el ablandamiento en la maduración y postcosecha. Las especies de frutilla, *Fragaria x ananassa* y *Fragaria chiloensis*, son un modelo biológico para este fenómeno debido a la alta tasa de ablandamiento que presentan sus frutos. Se ha determinado la acción de varios genes en este proceso, donde destacan los codificantes para poligalacturonasa1 (PG1) y pectato liasa (PL); expansinas (Exp); endoglucanasa1 (EG1) y xiloglucano endotransglucosilasa/hidrolasa1 (XTH1). Durante la maduración, se ha observado un descenso en el contenido de pectinas covalentes, y en menor medida de hemicelulosas, concomitante a un aumento en la actividad de pectina metilesterasa y poligalacturonasa, y de endoglucanasa,

respectivamente. Tratamientos con la hormona metil jasmonato (MeJA), alteran la expresión de los genes EG1 y XTH1, produciendo una reducción en el contenido de hemicelulosas en frutos de *F. chiloensis*. Por otra parte, tratamientos con CaCl₂ y auxina (ANA) en postcosecha producen una reducción en los niveles transcripcionales de PG1, PL y EG1 en frutos de *F. chiloensis*, mientras que CaCl₂ disminuye la degradación de pectinas iónicas. El estudio de la dinámica molecular de degradación de pared permitiría elaborar estrategias eficaces para mejorar y mantener la calidad de frutos.

PIA ACT-1110; Fondecyt 3100031 y 11110171.

COMPRENDIENDO LOS EVENTOS MOLECULARES DE LA PARED CELULAR SECUNDARIA (Understanding the molecular events in secondary cell wall)

Herrera, R.¹., ¹Instituto Ciencias Biológicas Universidad de Talca.

La formación de pared celular secundaria involucra un intrincado mecanismo molecular. Particularmente intrigante es el hecho que la madera varía dependiendo de su posición en el tallo, tanto en sus propiedades químicas como mecánicas, lo cual incide en la heterogeneidad de la estructura anatómica del xilema secundario. Es posible reconocer dentro de una temporada de crecimiento 6 diferentes tipos de madera, denominadas: juvenil/madura, compresión/opuesta y temprana/tardía. Esta plasticidad es debido a factores ontogénicos y medio ambientales, de los cuales su mecanismo molecular aún se desconoce. Herramientas moleculares (bibliotecas subtractivas, RNA-seq y proteómica) han provisto información respecto de genes expresados diferencialmente, donde destacan aquellos asociados a síntesis de pared, biosíntesis de lignina y celulosa, así como, factores de transcripción. Más aún, el análisis masivo de genes por microarreglos, nos han permitido comparar la expresión de genes modulados por estos factores de transcripción y su efecto modulador sobre genes de la vía de los compuestos fenilpropanoides. Por otro lado, herramientas bioinformáticas han permitido predecir la estructura, tanto de proteínas involucradas en la remodelación de la pared, como de los factores de transcripción en estudio. En el caso de la enzima xiloglucano endotransglucosidasa/hidrolasa los estudios sugieren que la enzima presenta mayor afinidad con sustratos del tipo hemicelulosa, siendo el complejo más estable al formado con xiloglucano del tipo XXXGXXXG. Se discutirá el rol modulador que tienen estos factores de transcripción sobre genes remodeladores de la pared vegetal. Fondecyt N° 1120635 y DI-UTalca

SIMPOSIO SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE

ESTRESORES MÚLTIPES EN EL ÓCEANO : ESCALANDO DESDE LA BIOLOGÍA HASTA LOS IMPACTOS SOCIO ECONÓMICOS

Coordinador: Marco A. Lardies

EFFECTOS DE LA VARIABILIDAD ESPACIAL Y TEMPORAL EN SERVICIOS ECOSISTÉMICOS EN POBLACIONES DE BIVALVOS BAJO CULTIVO (Effects of spatial and temporal variability of ecosystem services on cultivated populations of bivalves)

Broitman, B.¹, Lara, Carlos²., Yannicelli, Beatriz¹., Gonzalez, Avia²., ¹UCN Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas. ²Biología Marina UCN.

La provisión continua de servicios ecosistémicos es fundamental para el funcionamiento de la sociedad. Un caso marcado de esta dependencia de procesos ecológicos variables ocurren en las industrias relacionadas con la explotación de recursos naturales o bajo cultivo, como la industria forestal, acuícola o agrícola. En el caso de la industria acuícola de bivalvos y su marco regulatoria, la dependencia de servicios ecosistémicos frágiles es especialmente aguda, lo que se ha visto reflejado en crisis en los cultivos de mitilidos de las regiones de los Ríos y los Lagos y en los cultivos de pectinidos en las regiones de Coquimbo y Atacama. Estas crisis, geográficamente separadas, se originan en el quiebre del suministro de larvas desde el medio ambiente o en la capacidad de generar estas utilizando las condiciones ambientales imperantes. Esta presentación pone a prueba la hipótesis de una interrupción de los servicios ecosistémicos de los que depende la provisión de larvas planctónicas competentes ("semillas"). Los análisis iniciales sugieren conclusiones diferentes para ambas regiones. En la zona sur, cambios episódicos en los regímenes de circulación del océano costero habrían generado condiciones desfavorables para la producción de larvas por parte de los adultos mientras que en la zona norte, similares cambios de circulación impactarían la supervivencia de las larvas planctónicas. Si bien estas conclusiones son preliminares, en ambos casos apuntan hacia una falla de los servicios ecosistémicos de los cuales depende la actividad productiva. Se discuten las bases de la resiliencia del sistema socio-ecológico basado en estas conclusiones.

FONDECYT 1120988, Millennium Nucleus Center for the Study of Multiple-drivers on Marine Socio-Ecological Systems (MUSELS) by MINECON Project NC120086?

IMPACTOS DEL CAMBIO GLOBAL EN INVERTEBRADOS MARINOS: VARIACIÓN GEOGRÁFICA Y ADAPTACIÓN (Global change impacts in marine invertebrates: geographic variation and adaptation)

Lardies, M. A.¹, Lagos, Nelson²., Vargas, Cristian³., Osorio, Sebastián⁴., ¹Departamento de Ciencias, Facultad de Artes Liberales & INCAR, marco.lardies@uai.cl, Universidad Adolfo Ibáñez. ²Ciencias, Ciencias, Universidad Santo Tomás. ³LAFE, Fac. Ciencias Ambientales, Universidad de Concepción. ⁴Bioingeniería, Ingeniería y Ciencias, Universidad Adolfo Ibáñez. (Sponsored by Marco A. Lardies)

La acidificación del océano (AO) afecta la vida en los ecosistemas marinos costeros y virtualmente todos los recursos bentónicos de importancia se verán afectados por los cambios en pH. Las especies más afectadas por la AO son las especies calcificadoras de moluscos (choros, locos, ostiones). Predecir los efectos de la AO sobre especies bentónicas es difícil, no sólo porque se requiere conocer las consecuencias integradas a nivel organizmático, sino también porque ante la acelerada tasa de cambio de acidificación las especies bentónicas tienen pocas posibilidades de "adaptación". Para simular estos impactos en un contexto evolutivo

se utilizan dos aproximaciones; 1) la costa de Chile es un laboratorio natural para estudios de AO donde poblaciones están sometidas a valores proyectados para los años 2100 y 2) evaluación de la respuesta de los organismos ante experimentos controlados en mesocosmos. Las repuestas evaluadas ante la AO en las distintas especies varían entre distintos estadios ontogenéticos y especies. Las tasas vitales (metabolismo, crecimiento y reproducción) son afectadas significativamente por pH menores dejando menos energía para crecimiento y reproducción. Lo anterior, demuestra que existen compromisos entre rasgos en especies calcificadoras. Se concluye que la capacidad de aclimatación varía significativamente dentro y entre poblaciones y que el entendimiento de tal variación es crítico para predecir los impactos de la AO.

FONDECYT Nº 1140092, Núcleo Milenio 1200286 (MUSELS)

PRODUCCIÓN DE CARBONATO EN BIVALVOS A TRAVÉS DE GRADIENTES AMBIENTALES (BIVALVES CARBONATE PRODUCTION ACROSS ENVIRONMENTAL GRADIENTS)

Lagos, N. A.¹, Vargas, Cristian²., Lardies, Marco³., ¹Centro de Investigación e Innovación para el Cambio Climático, Facultad de Ciencias, Universidad Santo Tomás. ²Centro EULA Universidad de Concepción. ³Facultad de Artes Liberales & Ingeniería y Ciencias Universidad Adolfo Ibáñez.

Las zonas de surgencia costera y desembocadura de ríos son áreas cuyo pH y estado de saturación del carbonato (Ω) es naturalmente bajo. En este estudio se exploran patrones de campo en la producción de carbonato, comparando la diversidad, distribución y abundancia de organismos calcificadores a través de zonas de pH variable. Los resultados indican que zonas estuarinas y marinas presentan patrones comunitarios divergentes en la distribución y abundancia de grupos funcionales (calcificadores vs. no calcificadores) que habitan las matrices del bivalvo *P. purpuratus*. Sin embargo, se registró que en zonas estuarinas se estimula la producción de carbonato (calcificación) de este bivalvo. Estudios experimentales de campo, sugieren que estas discrepancias serían el resultado de la variabilidad en la producción de capas orgánicas (periostraco), cuya producción se restringiría bajo condiciones estuarinas o corrosivas, promoviendo un engrosamiento de las valvas, mientras que en áreas menos corrosivas o marinas, el periostraco sería utilizado para proteger la rápida elongación de una valva más delgada. Se discuten las implicancias de la producción y reciclaje del carbonato sobre la estructura y función de ecosistemas bentónicos.

FONDECYT 1090624, 1140938, 1140092, IC120019 (MUSELS).

VALORACIÓN DE SERVICIOS ECOSISTÉMICOS MARINOS Y COSTEROS BAJO MÚLTIPLES ESTRESORES: EL ESTADO DEL ARTE Y DESAFÍOS (Valuation of marine ecosystem services under multiple stressors: state of the art and challenges)

Vasquez, F.¹, ¹Facultad de Economía y Negocios, Universidad del Desarrollo. fvlavin@gmail.com,

La medición de los impactos socioeconómicos de la provisión o pérdida de servicios ecosistémicos marinos y costeros producto de cambios en las condiciones ambientales es una preocupación creciente. Algunos de estos estresores son la acidificación del océano, la sobrepesca y la contaminación. Desde la perspectiva económica estamos interesados en determinar los impactos directos e indirectos asociados a la provisión de servicios ecosistémicos incluyendo la provisión de alimentos, captura de carbono, protección costera, turismo y recreación, etc. El uso de metodologías de valoración económica para bienes sin mercado se ha convertido en una herramienta común entre economistas para estimar los beneficios totales de los servicios ecosistémicos en ecosistemas marinos. Sin embargo, es necesario una mayor discusión sobre los conceptos económicos necesarios para utilizar estas metodologías y una clara descripción de las limitaciones y desafíos que enfrenta la aplicación de estas metodologías. La evidencia muestra que existe un sobre uso de metodologías de valoración como la transferencia de beneficios y el método de valoración contingente y que prevalecen resultados que difícilmente pasan un test de consistencia con la teoría económica que los sustenta. En esta presentación se busca discutir los conceptos mínimos necesarios para aplicar adecuadamente los métodos de valoración económica ambiental a problemas de valoración de servicios ecosistémicos, incluyendo una correcta definición de valor económico y de la pregunta de valoración relevante, así como también una discusión de las limitaciones y desafíos que representa un trabajo interdisciplinario con el fin de proveer información relevante para el proceso de toma de decisiones.

Núcleo Milenio 1200286 (MUSELS), Research Nucleus on Environmental and Natural Resource Economics NS 100007

SIMPOSIO SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE

GENÉTICA CUANTITATIVA: DISECCIÓN GENÉTICA DE CARÁCTERES COMPLEJOS

Coordinador: Ricardo Verdugo

PAIRWISE CROSSES FOR UNDERSTANDING THE EXTENT OF CODING AND NON-CODING REGIONS UPON NATURAL PHENOTYPIC VARIATION

García, V. Verónica¹, Abarca, Valentina¹, Araos, Sebastian¹, Kessi-Pérez, Eduardo I.², Martínez, Claudio², **Cubillos, F. A.³**, ¹Ciencia y Tecnología de Los Alimentos, Tecnológica, Universidad de Santiago de Chile. ²Departamento de Ciencia y Tecnología de Los Alimentos, Facultad Tecnológica, Universidad de Santiago de Chile. ³Departamento de Ciencia y Tecnología de Alimentos, Tecnológica, Universidad de Santiago de Chile.

Determining the different sources of heritable variation underlying quantitative traits in nature is currently at the forefront of genetic studies. Such variation can be easily studied in model organisms, where environment, genetic makeup, and allele frequencies can be controlled. Here, we examined the effect of natural genetic variation on complex traits in a set of six pairwise crosses derived from the cross of four representative yeast founder strains from major lineages and determine the extent of *cis*-regulatory polymorphisms upon gene expression. The QTLs detected are not constrained to a small number of loci, and the majority are specific to a single cross-combination and to a specific environment. Particularly, linkage analysis on oenological phenotypes allowed us to detect *RIM15* underlying several traits and exhibiting signatures of antagonistic pleiotropy. In addition, we carried out Allele Specific Expression (ASE) analysis to study how natural variation influences gene expression on individual alleles. Genome-wide we quantified ASE for 3,580 genes, majority of which (99%) showed signatures of ASE in at least one cross and nearly 80% of the genes showed allelic imbalance in at least four crosses. Our ASE estimates demonstrate the wide magnitude of natural expression variation across individuals and shed lights onto putative adaptation mechanisms, finding significant regulatory variation for pathways which could be related with niche adaptation for each lineage. Finally, this catalogue of QTLs and *cis*-regulatory variants provides a framework for powerful genetic analysis of yeast phenotypes, serving as a test bed for evaluation of avenues to attack complex traits in other organisms¹.

Apoyo al retorno de investigadores desde el extranjero grant number 82130010

FONDECYT 1100509

DISECCIÓN GENÉTICA DE CARACTERES COMPLEJOS EN SALMÓN DEL ATLÁNTICO MEDIANTE UNA PLATAFORMA DE SNPS DE ALTO RENDIMIENTO (Genetic dissection of complex traits in Atlantic salmon using a high throughput platform for SNP genotyping)

Yáñez, JM¹, Lhorente, JP², Correa, K¹, López, ME³, Bassini, LN³, Di Genova, A⁴, Maass, A⁴, ¹Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile. ²SA Aquainnovo. ³Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile. ⁴Centro de Modelamiento Matemático Universidad de Chile. (Sponsored by Innova Chile, CORFO (11IEI-12843))

La disección de la base molecular de caracteres de interés económico en animales y humanos requiere de un considerable número de SNPs (*Single*

Nucleotide Polymorphisms). Utilizando secuenciación de genoma completo en un panel de 20 individuos de salmón del Atlántico (*Salmo salar*) hemos identificado 9.736.374 SNPs. Luego de seis filtros de calidad de las variantes hemos seleccionado 200K SNPs, los cuales fueron genotipados en 480 peces utilizando la tecnología Affymetrix Axiom® myDesign Custom Array. Esta plataforma de SNPs ha sido utilizada para detectar huellas de procesos selectivos en el genoma del salmón del Atlántico utilizando divergencia entre poblaciones silvestres y cultivadas, provenientes de distintos orígenes geográficos (Europa y Norte América). Además, utilizando los 50K SNPs con mejores propiedades de genotipificación hemos llevado a cabo estudios de asociación genómica (GWAs) para los caracteres de resistencia a dos enfermedades que afectan el cultivo de esta especie en el país: *Piscirickettsia salmonis* y *Caligus rogercresseyi*. Ambas aproximaciones han permitido determinar la arquitectura genético-molecular de caracteres de interés productivo en esta especie de gran relevancia para la acuicultura nacional.

Financiamiento: Innova Chile, CORFO (11IEI-12843)

GENETICS OF HUMAN DISEASES - FROM SINGLE MUTATIONS TO THE WHOLE GENOME

Tiret, L. UMR ICAN 1166, INSERM, Université Pierre et Marie Curie, Paris, France

During the last 15 years, considerable progress has been achieved in the knowledge of the human genome and the characterization of its natural variability. The spectrum of the genetic variants that predispose to human diseases spans from rare, highly deleterious mutations responsible for Mendelian diseases to common polymorphisms with weak effects that, alone or in combination, modulate the risk of common diseases. Traditionally, genetic association studies focused on candidate genes selected on the basis of their biological function. Thanks to the "HapMap" Project, increasingly dense genome-wide panels of common polymorphisms became available and made possible to conduct genome-wide association studies (GWASs) to investigate the genetic component of common diseases without relying on any prior biological hypothesis. This approach offers a great potential for the discovery of new causes and mechanisms of disease. For example, the most recent meta-GWAS of plasma lipids identified 95 lipid-associated loci, many of which harbor genes related to lipid metabolism. Functional studies are critically important to carry the results of GWASs forward. In parallel to GWAS, large-scale explorations of the transcriptome of different cell types involved in pathophysiology usefully complement the knowledge issued from the genome.

We will present major advances achieved in the field of common cardiovascular diseases by these approaches. We will also discuss the new approaches that hold great promises for progressing in the understanding of complex diseases such as next generation sequencing (NGS) technologies which allow exploration of the genome and transcriptome at an unprecedented depth.

SIMPOSIO SOCIEDAD DE ECOLOGÍA-SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN EL VALOR Y LOS DESAFÍOS DE LAS COLECCIONES BIOLÓGICAS, Y SU RELEVANCIA PARA ESTUDIOS EN ECOLOGÍA, BIOGEOGRAFÍA Y EVOLUCIÓN

Coordinadores: Rocio Jaña y Eduardo Palma

COLECCIONES DE VERTEBRADOS EN CHILE Y SU IMPACTO EN ESTUDIOS ECOLÓGICO-EVOLUTIVOS (Vertebrate Collections In Chile And Their Impact In Ecological-Evolutionary Studies)

Palma, RE¹. ¹Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. Está fuera de toda discusión el importante rol que las colecciones científicas cumplen con el almacenaje de especímenes de referencia ("voucher specimens"), ejemplos de colectas durante el registro biológico de especímenes que forma parte de proyectos de investigación o catastros de flora y fauna. Asimismo, el rol de las colecciones para almacenar especies tipos, utilizadas en el proceso de describir y nominar nuevas especies. Ambos tipos de colecciones constituyen la prueba física de que el trabajo ha sido realizado y que los nuevos taxa han sido descritos adecuadamente. Otro de los roles importantes de las colecciones científicas, es su aporte a los estudios en biodiversidad como ecología, biogeografía y evolución. Particularmente a los estudios en sistemática, reconstrucción de filogenias, filogeografía y genética de poblaciones, que pueden ser críticos para la conservación de especies. La obtención de muestras como tejidos (sangre, órganos, etc.), hasta el análisis de caracteres morfológicos, son claves en los estudios ya mencionados. En este trabajo presentamos qué se conoce acerca de las colecciones científicas de vertebrados en Chile, y el rol y apoyo que cumplen en investigaciones ecológico-evolutivas, particularmente en las áreas definidas anteriormente. Hay importante información de colecciones de vertebrados que van desde el Museo Nacional de Historia Natural de Santiago, a otras como el Instituto de la Patagonia, Museo de Zoología de la Universidad de Concepción, Museo de Historia Natural de Valparaíso, Colecciones de la Universidad de Chile, y Colección Patricio Sánchez Reyes de la Pontificia Universidad Católica de Chile, entre otras.

Proyecto Fondecyt 1130467

EL USO DE LAS COLECCIONES ENTOMOLÓGICAS EN ESTUDIOS DE LA BIODIVERSIDAD: EL MUSEO DE ZOOLOGÍA DE LA UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN COMO CASO DE ESTUDIO (The use of entomological collections in biodiversity studies: the Museum of Zoology from University of Concepcion as a case study)

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

Durante los dos últimos siglos, las colecciones entomológicas se han constituido en componentes esenciales de la investigación, convirtiéndose en bienes insustituibles y vitales para diversas áreas de la biología. Su preservación constituye registros históricos naturales, donde la conservación de los especímenes y su información asociada, se constituyen en la base para realizar estudios taxonómicos, ecológicos, filogenéticos, biogeográficos y propuestas de conservación. La colección Insecta del Museo de Zoología de la Universidad de Concepción (UCCC-MZUC) fue iniciada en 1955 y en su desarrollo histórico se han incorporado importantes colecciones particulares de destacados entomólogos nacionales. Es una colección de relevancia, que contiene 450528 ejemplares representantes de 9834 especies, principalmente de Chile, Regiones Andina y Neotropical. Además, esta colección contiene 6590 ejemplares tipos (Holo, Alo, Paratipos y otros) correspondientes a 955 especies. La acumulación de ejemplares correctamente identificados, ha permitido que esta colección este presente en innumerables trabajos de investigación científica, destacando entre ellos: 1) proposición de nuevas especies; 2) inventarios faunísticos; 3) revisiones taxonómicas y sistemáticas de géneros y otras categorías supraespecíficas a través de atributos morfológicos y moleculares; 4) fuente de información para estudios de líneas de base para evaluación de impacto ambiental; 5) estudios biogeográficos; 6) estudios evolutivos; 7) base de datos para estudios para la conservación de la fauna entomológica chilena. En el presente trabajo se presenta el impacto de la colección Insecta del UCCC-MZUC en estos ámbitos de estudios.

Sociedad Chilena de Evolución, Fundación de Amigos del Museo Nacional de Historia Natural, DIUC - Universidad de Concepción

LOS HERBARIOS DE CHILE Y SU APOORTE A LA CIENCIA (The Chilean Herbaria and its contribution to science)

Jaña-Prado, Rocio¹. Castro, Sergio², Ardiles H, Victor³, Arriagada, Jimena³, Rojas, Gloria³, ¹Área Curatorial Museo Nacional de Historia Natural. ²Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad De Santiago De Chile. ³Área Botánica Museo Nacional de Historia Natural.

En Chile contamos con 11 herbarios indexados en el Index Herbariorum del The New York Botanical Garden. El número de especímenes que albergan varía entre 1950 (HFV, Herbario Fitopatológico de Valdivia, Universidad Austral de Chile) y 210.000 (CONC, Herbario de la Universidad de Concepción). Sus fechas de fundación comienzan en el año 1889 (SGO, Herbario del Museo Nacional de Historia Natural), siendo el último fundado reportado de 1988 (ULS, Herbario Departamento de Biología, U. La Serena). Estos herbarios se distribuyen entre La Serena y Punta Arenas, abarcando una amplia variedad de ecosistemas terrestres. Tres publicaciones seriadas son en parte dependientes del trabajo de estos herbarios, siendo éstas el Boletín del Museo Nacional de Historia Natural, Gayana Botánica y los Anales del Instituto de la Patagonia. Contrario a lo generalmente esperado, producto del trabajo sobre ejemplares de estos herbarios pudimos encontrar artículos que abordan diversas disciplinas. Además de sistemática, abordan también la ecología de invasiones, biogeografía, aportes de personajes históricos a la botánica, conservación biológica, biología evolutiva y biología reproductiva, entre otros. En nuestra presentación analizaremos el estado de conservación de los herbarios en Chile, el trabajo que se desarrolla en ellos y destacaremos los aportes que los herbarios han hecho al desarrollo una variedad importante de disciplinas en Chile.

Museo Nacional de Historia Natural

Fundacion de Amigos del MNHN

Sociedad de Ecología de Chile

Sociedad Chilena de Evolución

FONDECYT

LA COLECCIÓN DE PALEONTOLOGÍA DEL MUSEO NACIONAL DE HISTORIA NATURAL: UNA CLAVE PARA LA EVOLUCIÓN PALEOBIOGEOGRÁFICA DE CHILE

Rubilar-Rogers, D¹. Salazar, Christian¹, ¹Área Paleontología Museo Nacional de Historia Natural.

La referencia más antigua, a la colección paleontológica de Museo Nacional de Historia Natural, fue publicada por el naturalista R. A. Philippi en 1887. En la actualidad esta colección se estima en más de 40.000 especímenes, de los cuales más de 27.000 se encuentran ingresados y distribuidos en: Paleontología de Invertebrados con 14.985 especímenes, Paleontología de Vertebrados con 1.300, Paleobotánica 1.571, y Exhibición y Educación con 9.367. Este número, junto al hecho de ser el repositorio oficial de los holotipos paleontológicos del país (Ley 17.288), determina que sea la mayor y más importante colección de fósiles de Chile. Se estima que los datos aportados por todo el material de la colección podrían alcanzar las 2.000.000 de referencias. Esta importante cantidad de información se encuentra en proceso de ser migrada a la base *biótica*. Con esta nueva base de datos se podrá integrar el conocimiento sobre asociaciones faunísticas, paleobiogeográficas, paleoecológicas, bioestratigráficas y las relaciones taxonómicas entre los fósiles registrados y documentados. Con esta metadada podremos aportar con mayor precisión a la reconstrucción paleobiogeográfica del país y abordar, de mejor manera, problemáticas tales el endemismo paleo-faunístico y paleo-florístico en Chile. Además de entender, por ejemplo, los efectos sobre la biota local luego de la separación entre América del Sur y la Antártica y el surgimiento de la corriente de Humboldt.

Fundación de Promoción de la Historia Natural y Antropológica

SIMPOSIO SOCIEDAD DE BOTANICA DE CHILE CONTEMPORARY STUDIES IN FLOWER STRUCTURE AND BIOLOGY

Coordinador: Kester Bull

FLOWER RESEARCH SYNECTICS (FLO-RE-S) - INTRODUCCIÓN AL SIMPOSIO EN ESTRUCTURA Y BIOLOGÍA FLORAL (Flower Research Synectics (FLO-RE-S) - Introduction to the symposium on flower structure and biology)

Bull-Hereñu, K^{1,2}, ¹Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Escuela de Pedagogía en Biología y Ciencias, Facultad de Ciencias de la Educación, Universidad Central de Chile.

Modern Botany has been an area of scientific debate for some 250 years, during which time an enormous amount of research and observations have contributed to the delimitation and characterisation of the quintessential angiosperm structure, *the Flower*. The goal of this symposium is to present the work of Flower Research Synectics (FLO-RE-S) members to the scientific community. The aim of FLORES is to create a space for discussion and cooperation towards the realization of scientific accounts about *the Flower*, taking its very structure as a starting point. Through a variety of research approaches floral structure can be addressed and various types of accounts can be made. This symposium intends to present a diversity of these, such as: the study of floral morphology; research on development of characters; mapping of floral attributes in the phylogeny and the related evolutionary inferences; and the mechanics of particular floral baupläne and their eventual interaction with pollinators. We anticipate that this range of topics presented by researchers from contrasting yet complimentary viewpoints will stimulate a wealth of interesting discussion and debate on all things floral.

Acknowledgements: Sociedad de Biología de Chile, Sociedad de Botánica de Chile and Instituto Milenio de Ecología y Diversidad for their financial support.

MERISTIC CHANGES IN FLOWERS. WHY NUMBERS MATTER.

De Craene, L.R.¹, ¹ Royal Botanic Garden Edinburgh.

The merism (or number of parts within whorls) of flowers is a highly conserved character, as flowers are generally constructed on a di-, tri-, tetra-, or pentamerous Bauplan, with a wide distribution among major groups of flowering plants. Merism has a strong predictive value with a wide application. For example, trimery has become stabilized among monocots with very few exceptions and pentamery is mainly found among core eudicots (Pentapetalae). The establishment of major merisms appear to be key innovations, linked to a high diversification. However, further changes in merism are not rare, with some families characterized by unusual numbers, such as hexamery, heptamery, octomery, or more. Little is known about what triggers these changes and how they become stabilized in certain groups of plants.

An overview is given about the different factors responsible for changes in merism (meristic increases or reductions, loss of regular merism), which can be genetic or spatio-mechanical. A number of examples are discussed where meristic changes affect the number of organs within whorls but also the total number of whorls. Changes in merism can be triggered at the level of the whole flower, but also in individual organs. Different causes for meristic change are presented and discussed.

DESARROLLO FLORAL DE *CERATOPHYLLUM* - RELEVANCIA DE LAS FUERZAS MECÁNICAS EN PRODUCIR VARIACIÓN FILOTÁCTICA ENTRE FLORES (Floral development of *Ceratophyllum* - importance of mechanical force to produce phyllotactic variation in flowers)

Iwamoto, A.¹, Izumidate, Ryoko¹, Ronse De Craene, Louis², ¹Department of Biology, Faculty of Education, Tokyo Gakugei University. ²MSc course in the Biodiversity and Taxonomy of Plants Royal Botanic Garden Edinburgh. *Ceratophyllum* has been reported to be probably a sister group to the eudicots based on the results of molecular analysis. However, this position is still uncertain and there are other possibilities, in particular, a sister group relationship to the monocots could not be absolutely discarded. Hence, morphological features of *Ceratophyllum*, in particular the floral attributes are important for suggesting phylogenetic affinities. In this work we focused on the floral development of *Ceratophyllum demersum*, a representative species of the genus, whose male flowers have been observed to be arranged in variable phyllotactic patterns; spiral, trimerous, tetramerous and chaotic. Uncovering the floral development of this species also contributes significantly to our understanding and interpretation of the mechanisms governing floral phyllotaxy in the angiosperms. The male flowers of *C. demersum* are composed of more than ten stamens surrounded by tepals. Our study revealed that tepal primordia arise first and then they were followed by the stamen primordia. Interestingly, both tepal and stamens were firstly initiated on the abaxial side of the floral apex and only later on the adaxial side (unidirectional initiation), probably due to the contact pressure imposed by the leaf primordium at the superior node. Later the inner stamens initiate spirally and this should be the main pattern in the stamen initiation, which is basically similar to those of basal angiosperms and suggests a close relation between *Ceratophyllum* and them. The female flowers, considered to be very specialized through reduction, were composed of only one pistil and six to eight tepals and showed unidirectional initiation in early developmental stages, which is probably caused by the contact pressure as well. We conclude that mechanical pressure on the adaxial side of the flower meristem could be an important factor explaining the phyllotactic variation in the male flower of this species.

FORCE MATTERS: CHOICE EXPERIMENTS WITH *BOMBUS TERRESTRIS* AND *APIS MELLIFERA* AT ARTIFICIAL FLOWERS

Classen-Bockhoff, R¹., Stöbke, Janina²., ¹Biology, Institut für Spezielle Botanik, Johannes Gutenberg Universität Mainz. ²Institut für Spezielle Botanik Johannes Gutenberg Universität Mainz.

Many flowers demand physical force from their pollinators before rewarding them with nectar. A prominent example is the genus *Salvia* (Lamiaceae), in which the process of pollen transfer is mediated by a staminal lever mechanism usually demanding 1-10 mN force for its release. As force costs energy, flowers with levers are expected to be less attractive to bees than flowers without barriers. To test this hypothesis and to get a deeper insight into the evolutionary significance of force in flowers, we successfully trained two common pollinators, the honey bees (*Apis mellifera*) and a bumble bees (*Bombus terrestris*), to artificial flowers. We modelled two types of flowers, one in the style of a *Salvia* flower with adjustable forces and one without any barrier. Our results show, first, that both bee species significantly prefer the models without levers. Second, if nectar concentration is higher in the model with lever, this preference breaks down indicating the bees' cost-benefit calculation. Third, honeybees are less successful on flowers with levers than bumble bees. This might open a niche for bumble bees to favor flowers with barriers in the presence of honeybees. Based on the habitat-selection-model we conclude that force-demanding flowers increase niche diversity and contribute to transient specialisation in a given biotic environment.

EVOLUCIÓN DE LA INTEGRACIÓN FLORAL: RELEVANCIA DEL DESARROLLO (Evolution of floral integration: the relevance of floral development)

Pérez, F.^{1,2}., Bull, Kester¹., Chinga, Javiera¹., Maureen, Murua¹., González, Alejandra³., ¹Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Ecología Instituto de Ecología y Biodiversidad. ³Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. (Sponsored by Fernanda Pérez)

La integración floral, se refiere a la variación coordinada de rasgos florales, y puede resultar de múltiples factores, incluyendo correlaciones genéticas, restricciones del desarrollo y aspectos funcionales. En el caso de las plantas polinizadas por animales, se ha propuesto que la selección mediada por polinizadores, sería la principal fuerza que promueve la integración. En este marco, se han realizado numerosos estudios donde se comparan los patrones y niveles de integración floral con los sistemas de polinización y reproductivos, con distintos resultados. Menos atención ha recibido el papel del desarrollo en la evolución de la integración floral. En este estudio evaluamos los patrones de correlación de rasgos florales durante la antesis y a lo largo del desarrollo en dos especies, *Schizanthus pinnatus* y *Alstromeria ligtu*, y contrastamos estos patrones con los de flores adultas. Además evaluamos el papel de los polinizadores en la evolución de la integración floral, contrastando los patrones de correlación fenotípicas con las tasas de visitas y la diversidad morfológica del ensamble de polinizadores.

Fondecyt 1141047 e IEB P05-002 ICM.

POLLEN CATAPULTS AND THE FLORAL DIVERSITY IN *CATASETUM* - DARWIN'S MOST REMARKABLE ORCHIDS

Fulop, Daniel¹., Romero, Gustavo²., Kramer, Elena M³., **Dumais, J⁴.**, ¹Department of Plant Biology University of California, Davis. ²Harvard University Herbaria, Faculty of Arts and Sciences, Harvard University. ³Department of Organismic and Evolutionary Biology, Faculty of Arts and Sciences, Harvard University. ⁴Centro de Innovación en BioIngeniería, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Universidad Adolfo Ibáñez.

Fast movements have evolved repeatedly in plants to support functions such as dispersal, pollination, and even feeding. One example of fast movement with important evolutionary implications is pollinarium ejection in the orchid genus *Catasetum* which, according to Charles Darwin, is "the most remarkable of all orchids". The pollen-carrying pollinarium is ejected at high velocity when the male flower is visited by pollinating bees. We demonstrated that the remote triggering of pollinarium ejection and the precise guidance mechanism in *Catasetum* have relaxed a structural constraint in the design of flowers allowing diversification of floral morphology. In particular, we have shown that one major axis of diversification – the degree of flower opening – correlates precisely with the key biomechanical parameter for pollinarium guidance.

SIMPOSIO SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE-SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN DESAFÍOS EN LA ENSEÑANZA DE LA EVOLUCIÓN EN CHILE

Coordinador: Marco Méndez

E-BOOK: INTRODUCCIÓN A LA BIOLOGÍA EVOLUTIVA
(e-book: Introduction to Evolutionary Biology)

Navarro, J.¹, Méndez, M.², ¹Programa Genética Humana, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ²Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

En este simposio se presenta el e-book "Introducción a la Biología Evolutiva". En Chile: i) los materiales sobre biología evolutiva, son escasos, ii) existen pocas oportunidades de actualización y perfeccionamiento, iii) la mayoría de las instituciones formadoras de profesores, no están preparadas para la enseñanza de la evolución. En este contexto es que la Sociedad Chilena de Evolución (SOCEVOL) y la European Society Evolutionary Biology (ESEB), han generado el libro "Introducción a la Biología Evolutiva", cuyo objetivo es proveer una visión actualizada de la teoría evolutiva. Este e-book contiene tres Secciones: I) INTRODUCCIÓN AL PENSAMIENTO EVOLUTIVO, que da a conocer porque deberíamos comprender la teoría evolutiva, el origen, historia, evidencias de la vida y la evolución, para terminar con una mirada histórica de la enseñanza de la evolución en Chile; II) MICROEVOLUCIÓN, que desarrolla el concepto de adaptación, que es y cómo opera la selección natural; la genética de poblaciones, coevolución y un capítulo dedicado a la Evolución Humana, con una síntesis histórica y moderna; III) MACROEVOLUCIÓN, que aborda en un contexto filogenético la evolución de los rasgos, que es una especie y la dificultad para definirla, la biología evolutiva del desarrollo y el registro fósil, con una actualización del conocimiento de los taxa fósiles en Chile. Finalmente, en un anexo se da cuenta del proyecto Genoma Humano, enfatizando su desarrollo histórico y proyecciones.

Financiamiento: ESEB y SOCEVOL.

COMPRENSIÓN Y ENSEÑANZA DE LA TEORÍA EVOLUTIVA EN CHILE: UNA PRIMERA EVALUACIÓN (Teaching and understanding Evolutionary Theory in Chile: a first assessment)

Cofré, H.¹, ¹Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Dentro de la enseñanza y el aprendizaje de la Biología, la Teoría de la Evolución (TE en adelante), es uno de los temas más complejos y controversiales. A diferencia de otros conocimientos biológicos, la enseñanza de la TE no solo debe tomar en cuenta las preconcepciones (misconceptions) de los estudiantes (por ejemplo la evolución como proceso dirigido a la perfección, o en base a mecanismos como la necesidad), sino también otros elementos como las creencias religiosas, la falta de comprensión de otros conceptos como población, mutación o adaptación, o la visión distorsionada de la naturaleza de la ciencia. En este trabajo se sintetizan algunos resultados de las primeras investigaciones realizadas en Chile sobre: 1) la comprensión y aceptación de la TE a tres niveles diferentes (escolar, universitario y profesional), 2) la relación entre estas variables y la comprensión de la naturaleza de la ciencia a tres niveles diferentes y, 3) la eficiencia de diferentes estrategias de enseñanza de la TE a tres niveles diferentes. Finalmente se discuten las implicancias para el aprendizaje y la enseñanza de la TE tanto en el sistema escolar, como en el ámbito de la formación inicial de profesores y la capacitación de profesores de biología en ejercicio.

Financiado por Proyecto FONDECYT 1131029

COMENTARIOS SOBRE LA DOCENCIA UNIVERSITARIA EN EVOLUCIÓN (Comments on university teaching in evolution)

Camus, P.A.¹, ¹Ecología, Ciencias, Universidad Católica de La Santísima Concepción.

Existen diversos procesos de retroalimentación positiva que afectan la calidad y efectividad de la educación evolutiva a nivel secundario y terciario. En la educación media, si bien el marco curricular (objetivos fundamentales y contenidos mínimos) podría ser suficiente para lograr una alfabetización evolutiva, en la práctica su efectividad se reduce mediada por factores evidentes pero difíciles de abordar, como por ejemplo el carácter más extensivo/intensivo que dirigido de los actuales programas de estudio elaborados a partir del currículo, y la alta exigencia disciplinaria y la complejidad de las competencias pedagógicas demandadas a los profesores. En la educación universitaria en biología y pedagogía en biología, la formación evolutiva continúa siendo un aspecto central en ambas carreras, aunque (idealmente) debiera implicar orientaciones distintas para lograr competencias diferentes. Sin embargo en este nivel suelen ocurrir desconexiones entre el ámbito pedagógico y el científico-evolutivo que afectarían especialmente a los estudiantes que ya venían con deficiencias (reforzándolas), lo cual en el caso de los estudiantes de pedagogía afectaría además su desempeño profesional en la educación media, reforzando las deficiencias de los estudiantes a su cargo que serán los futuros biólogos y pedagogos. En este contexto, se discuten algunos aspectos de (a) la interacción universitaria entre académicos de la biología (que forman biólogos y aportan su disciplina a los pedagogos) y académicos de la pedagogía (que forman pedagogos y no suelen aportar su disciplina a los biólogos), (b) la educación evolutiva en relación a la formación por competencias, y (c) como caso de análisis, los problemas a nivel de colegio y universidad (y de los mismos científicos) asociados a los conceptos de población y especie, que serían esencialmente los mismos detectados en otros países y parcialmente en Chile.

**TRESEQUEMASINTEGRATIVOSDETEORIAS EVOLUTIVAS
CON ETIQUETAS NEMOTECNICAS PARA SU APRENDIZAJE:
EJEMPLOS CON EVOLUCION HUMANA.** (Three integrative
schemes of evolutionary theories with mnemotechnic labels for their
learning: examples in human evolution)

Spotorno, A¹., ¹Genética Humana, Medicina, Universidad de Chile.

Las teorías evolutivas han experimentado sucesivamente una compleja expansión de dominios, contenidos y métodos, lo que facilita la persistencia de ideas erróneas, y dificulta su aprendizaje integrado, riguroso y sucinto. Presento tres esquemas facilitadores. Primero, un conjunto de círculos anidados no concéntricos despliega sus seis versiones mayores (Pigliucci 2009) convenientemente etiquetadas (Ureta 2012): Versión 1.0 Descendencia con modificación y Selección natural, 2.0 Mendelismo y cromosómica, 3.0 Sintética moderna, 4.0 DNA-RNA, 5.0 Evo-devo, y 6.0 Sintética expandida. Otros dos esquemas incluyen las cuatro áreas de la Biología (Tinbergen 1963, Nesse 2013 Trends Ecol Evol 28:681). Primero en una Tabla 2x2 (Spotorno 2005), con columnas de datos instantáneos y en secuencia cronológica versus explicaciones próximas y evolutivas. Así definen cuatro áreas (con sus respectivas causas aristotélicas): 1. Mecanismos (causas materiales), 2. Ontogenia (causas formales), 3. Filogenia (causas eficientes), y 4. Adaptación o maladaptación (causas finales). El tercer esquema (tabla periódica, Alcock 2012) presenta las cuatro áreas como columnas, versus siete niveles de organización (molecular, celular, órgano, individuo, familia, grupo, y sociedad). Los datos conocidos distribuidos así deberían incluir también la interacción e integración de las cuatro áreas, y explicitar sus vacíos en el conocimiento actual (como en los inicios de la Tabla periódica de elementos químicos). Estos tres esquemas han sido ensayados con diversos rasgos de la evolución humana en cursos de Evolución y Medicina Evolucionaria, y comienzan a ser publicados en diversos textos (Spotorno 2014 a y b).

Proyecto FONDECYT 1131029

SIMPOSIO SOCIEDAD DE BIOLOGIA DE CHILE

CIENCIA AMBIENTAL Y SUSTENTABILIDAD UN NUEVO CENTRO DE FINANCIAMIENTO BASAL CONICYT

Coordinador: Fabián Jaksic

CIENCIA AMBIENTAL Y SUSTENTABILIDAD: UN NUEVO CENTRO DE FINANCIAMIENTO BASAL CONICYT

Jaksic, F¹., ¹Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

El futuro de la humanidad depende de su transición hacia la sustentabilidad. Para hacer frente a este desafío, el Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES) se focalizará en la generación y transferencia de conocimiento original y en la formación de capital humano avanzado para alcanzar el desarrollo sustentable en Chile. La estrategia del Centro es involucrar a las empresas privadas y las agencias estatales para perfeccionar las normas ambientales vigentes en conformidad con las leyes y reglamentos nacionales e internacionales. Además buscaremos establecer “buenas prácticas” en sistemas socio-ecológicos. Nuestro proyecto está diseñado para superar el fracaso de traducir el conocimiento científico a la práctica y la política pública, basados en colaboraciones existentes y el desarrollo nuevas alianzas. Además, el Centro considera un amplio programa de difusión. En pocas palabras, CAPES se centrará en la generación y transferencia de investigación interdisciplinaria aplicada, orientada a la resolución de problemas en los sistemas socio-ecológicos, con el objetivo de lograr un desarrollo sustentable. En la era actual de los ecosistemas dominados por el hombre y la biosfera afectada por la acción humana, desde la escala local a la global, tal perspectiva está ganando terreno rápidamente en la ciencia en todo el mundo, se le otorga prioridad entre las fuentes de financiamiento, y está en la demanda de la interfaz ciencia aplicada-políticas públicas-prácticas privadas. El Director de CAPES y tres de los investigadores principales aterrizarán los conceptos resumidos aquí.

CAPES, Financiamiento Basal 0002-2014

APORTES DE LA ECOLOGÍA APLICADA AL DESARROLLO SUSTENTABLE DE LA INDUSTRIA MINERA METÁLICA (Contribution of applied ecology to sustainability development of the metal mining industry)

Ginocchio, R¹., ¹CAPES, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

La industria minera se relaciona de distintas formas con el medio ambiente. Algunas de estas interacciones han sido sobre-focalizadas, particularmente las percibidas por la sociedad como “negativas”; otras interacciones con posibles efectos neutros o positivos han sido, por otro lado, sub-consideradas o subvaloradas no sólo por la sociedad sino también por el propio sector minero. Adicionalmente, existe un extenso debate entre los actores involucrados (reguladores, empresarios, comunidades e investigadores, entre otros) sobre la factibilidad de realizar minería en forma sustentable. En esta línea de investigación del CAPES aportaremos antecedentes que permitan objetivar los efectos de las interacciones del sector minero con el medio ambiente, con énfasis en el enriquecimiento con metales de distintas matrices ambientales (suelos, aguas superficiales y marinas), y determinar cuan sustentable es este sector productivo ante distintos escenarios productivos. Por ejemplo, se abordarán aspectos relacionados con la evaluación de riesgo ecológico de los enriquecimientos con metales (biodisponibilidad, toxicidad para los organismos y movilidad ambiental), aportando con herramientas metodológicas apropiadas para la identificación de riesgos. Se desarrollarán distintas alternativas de rehabilitación ecológica para sitios perturbados por la industria minera, basadas en la reconstrucción de ecosistemas autosustentables. Todos estos conocimientos, herramientas y enfoques serán transferidos a la industria minera, los reguladores y a la sociedad en general, de forma de posibilitar el desarrollo sustentable del sector minero. Adicionalmente, se propenderá a la formación de capital

humano especializado en estas líneas de trabajo.

CONICYT FB 0002 (2014), Center of Applied Ecology & Sustainability (CAPES)

PROCESOS Y CAPACIDADES MICROBIANAS PARA PROMOVER EL DESARROLLO SUSTENTABLE. (Microbial properties and processes to promote sustainable development)

Gonzalez, B¹., ¹CAPES, Ingeniería y Ciencias, Universidad Adolfo Ibáñez.

Los microorganismos son un componente biológico esencial en el funcionamiento del planeta. Aunque todavía hay un gran nivel de desconocimiento sobre los procesos microbianos, lo que hoy si se sabe es que hay un tremendo potencial en los microorganismos conducente a mejorar la productividad y proteger el ambiente. Es en la aplicación efectiva de este potencial, entre otras iniciativas, donde el “Center of Applied Ecology and Sustainability” (CAPES) focalizará tanto la generación y transferencia de conocimiento original como la formación de capital humano avanzado, para promover el desarrollo sustentable en Chile. Ejemplos de esto son la investigación y transferencia tecnológica que desarrollaremos en áreas como el uso de bacterias que promueven el crecimiento de plantas y, por ello, base para el diseño de inóculos que permiten el ahorro en el uso de agroquímicos utilizados como fertilizantes o agentes biocidas; la aplicación de estrategias de bio y fitorremediación para la limpieza de ambientes contaminados con derivados del petróleo, residuos mineros u otros contaminantes; o el monitoreo y control de la actividad de microorganismos que producen efectos indeseables como el drenaje ácido de minas, la biocorrosión o la bioincrustación. En esta presentación se entregarán antecedentes que indican que el foco no es solo generar conocimiento básico si no que trabajar estrechamente con empresas, organismos gubernamentales u ONGs, y así transferir efectivamente el conocimiento y las capacidades generadas por CAPES al sector extra-universitario.

CONICYT FB0002 (2014)

TEORÍA DE DINÁMICA DE POBLACIONES APLICADA (Applied Population Dynamic Theory)

Lima, M¹., ¹CAPES, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

La Ecología ha sido generalmente criticada por su falta de poder práctico y predictivo, esta crítica se basa en la actitud de muchos biólogos que sostienen que no existen leyes o principios teóricos generales que rigen los sistemas ecológicos. Sin embargo, en esta línea de investigación del CAPES pensamos que la teoría de dinámica de poblaciones tiene profundas implicaciones para poder abordar la interfaz de los problemas ecológicos y socio-económicos en un contexto de cambio global. Por lo tanto, vamos a combinar las herramientas conceptuales y metodológicas tomados de la ecología de poblaciones, las matemáticas y modelos estadísticos para predecir la y analizar la dinámica de los sistemas socio-ecológicos. En especial, se aplicará la teoría ecológica general para explicar las causas de los cambios dinámicos en los sistemas ecológicos y humanos. Además, en esta línea de investigación se espera producir predicciones científicas capaces de influenciar las estrategias de gestión de las instituciones públicas y privadas que se ocupan de la gestión de la pesca, el control de plagas, producción de alimentos y la salud humana. En particular, esperamos colaborar con las instituciones públicas que se ocupan de la compleja interacción entre los recursos naturales (pesca / rendimiento de los cultivos) y los sistemas humanos (enfermedades humanas y la demografía / economía) y sus respuestas comunes al cambio global.

Fondo Basal-CONICYT grant FB-0002

SIMPOSIO SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE

GENÓMICA ESTRUCTURAL Y FUNCIONAL EN CHILE, PROGRESOS Y DESAFÍOS

Coordinador: Francisco Cubillos

GENÓMICA FUNCIONAL COMO HERRAMIENTA PARA MEJORAR LA CALIDAD DE LA FRUTA (Functional genomics as a tool for improving fruit quality)

Silva, H.¹, Poblete, Gisselle¹, Robledo, Francisco¹, Rios, Juan Carlos¹, Maldonado, Jonathan¹, Zeisler, Viktoria², Schreiber, Lukas², Dhingra, Amit³, Quero-García, Jose⁴, Carrasco, Basilio⁵, ¹Departamento de Producción Agrícola, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile. ²Department of Ecophysiology University of Bonn. ³Department of Horticulture Washington State University. ⁴Genetics and Breeding Department INRA-Bordeaux. ⁵Departamento de Fruticultura y Enología Pontificia Universidad Católica de Chile.

Chile is one of the main exporters of fresh fruits from the south hemisphere. Among them, peach and sweet cherries are very important. Unfortunately these fruits suffer a series of problems such as the cracking in sweet cherries and woolliness in peaches that are the two major reasons of losses in their production. In sweet cherry the damage is produced when the cherry-tree became in contact with water rain. We hypothesize that the susceptibility to cracking in these fruits could be related to structural components of the exocarp and differential expression of genes associated with this physiopathology. Together with Washington State University we sequenced the sweet cherry genome (Stella; 83.5 x coverage) and also we used 454 and Illumina technology to sequence the transcriptome of fruit from three sweet cherry varieties (Bing, Lapins and Rainier). 5,124 contigs were assembled from fruit reads. Sixty five per cent of the contigs were annotated. We are trying to establish a correlation between differences in alkane concentration and gene expression. On the case of peaches we recently participated in the International Consortium that sequenced the peach genome. The peach genome is a very well finished plant genome obtained from a completely homozygous genotype. We predicted 27,852 protein-coding genes, as well as noncoding RNAs. Taking in account both genomes we expect to identify key genes that might be useful as markers in molecular assisted breeding programs. In our lab similar approaches are being used to analyze quinoa, native papaya and other plant species. CONICYT, FONDECYT/Regular N°1120261

REDES GÉNICAS ACTUANDO A DISTINTOS NIVELES CONTROLAN LA ADQUISICIÓN DE N EN PLANTAS (Multilayer Networks Controlling Plant N-Acquisition)

Gutierrez, R.¹, ¹Genética Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica de Chile.

Nitrogen (N)-based fertilizers increase agricultural productivity but have detrimental effects on the environment and human health. Research is generating improved understanding of the signaling components plants use to sense N and regulate metabolism, physiology, growth and development. However, we still need to integrate these regulatory factors into signal transduction pathways and connect them to downstream response pathways. Using next generation sequencing, integrative network bioinformatics and systems biology approaches in *Arabidopsis thaliana*, we are dissecting regulatory networks acting at different levels of biological organization to control N-acquisition. At the molecular level, plants can adjust their capacity to acquire different forms of N in a range of concentrations by modulating the expression and function of genes in different N uptake systems. Modulation of plant growth and development, most notoriously changes in root system architecture, can also greatly impact plant N acquisition in soils. At the organism and ecosystem levels, plants establish associations with diverse microorganisms to ensure adequate nutrition and N supply. We will discuss our current experimental efforts towards mapping gene networks leading to these adaptive responses for optimal N nutrition at the metabolic/physiological, developmental and organismal level. A holistic view of plant N nutrition should open avenues to translate this knowledge into effective strategies to improve N-use efficiency and enhance crop production systems for more sustainable agricultural practices.

HERRAMIENTAS GENÓMICAS PARA EL MEJORAMIENTO DE LA PRODUCTIVIDAD EN BOVINOS Y OVINOS DEL SUR DE CHILE. OPORTUNIDADES Y LIMITANTES PARA EL DESARROLLO DE UNA GANADERÍA DE CLASE MUNDIAL.

(Genomic tools to improve bovine and sheep production in southern Chile. Opportunities and limitants to develop a world class livestock)

Carvajal, A.¹, De La Barra, Rodrigo¹, ¹Centro de Investigación Regional Remehue Instituto de Investigaciones Agropecuarias.

A nivel mundial, la obtención de las secuencias de diversos genomas así como el desarrollo acelerado de distintas técnicas de análisis como las ómicas están impactando fuertemente el conocimiento en animales domésticos, entre ellos los rumiantes. La ganadería de bovinos y ovinos en el sur de Chile actualmente tiene una presencia importante como sector productivo, habiendo consenso del gran potencial de desarrollo en áreas como producción de leche, carne y lana. En este contexto, el estudio parámetros genéticos respecto al biotipo animal o raza a utilizar, la expresión diferencial de genes, así como el tipo de variantes o polimorfismos y su asociación a parámetros fisiológicos y finalmente caracteres productivos es de gran importancia. En Chile hasta ahora se han realizado pocos estudios, enfocándose principalmente al trabajo con marcadores moleculares como microsatélites en las áreas de genética de poblaciones y diversidad alélica asociada al estado de conservación de especies; y polimorfismos de nucleótido simple relacionados a características productivas como producción y calidad de leche, calidad de carne y otras. Para estas características, el enfoque mayormente seleccionado ha sido el estudio de genes candidatos, los cuales participan directamente en los procesos celulares y moleculares que determinan en parte el fenotipo de interés. Sin embargo, la aplicación comercial de estas herramientas aún está lejos dada la falta de evaluaciones genéticas. A futuro, se espera la utilización de herramientas más modernas como secuenciación masiva, microarreglos y paneles de SNPs de alta densidad, con objeto de obtener una caracterización completa de los parámetros genéticos y celulares que subyacen las diferencias entre individuos, así como la instauración de programas de mejoramiento genético.

CANCER GENOMICS IN CHILE. (Cancer genomics in Chile.)

Armisen, R.^{1,2}, ¹Centro de Investigación y Tratamiento del Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ²Programa de Fisiopatología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Improved genomic and next generation sequencing technologies have yielded a vast amount of information and provided numerous insights into human diseases pathogenesis. Particularly in cancer, these tools have been exceptionally useful for identifying new biomarkers and therapeutic targets. However, translating these discoveries into patient care remains a major challenge. In 2012, University of Chile created a Cancer research and treatment center (CITC) with the goal of promoting translational cancer research through the development of infrastructure and promoting international collaboration among faculty members. The CITC has been successful in building a tissue bio-bank and to begin the characterization of a cohort of Chilean patients at the genomic level. The amount of data generated by this project has required building bioinformatics capacity and trained human resources to properly manage, analyze and use the information obtained. Most south-American populations were founded by the admixture of local Amerindian populations and colonizing Spaniards. Today's human genomic databases vastly lack information about our population. This becomes critical when diseases with a large genetic contribution, like cancer, are studied at the local level. The knowledge derived from the study of cancer genomics in Chilean patients is expected to contribute not only to our understanding of cancer genetic susceptibility in our population, but also opens the possibility to discover the involvement of novel genes or novel mutations in cancer pathogenesis, not present in well characterized populations of Caucasian origin in the USA and Europe.

U-Redes Domeyko II and Fondef D1111029.

SIMPOSIO SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE EL BOSQUE CHILENO VISTO A TRAVÉS DEL LENTE DE LOS RASGOS FUNCIONALES: UNA OPORTUNIDAD PARA ENTENDER Y PREDECIR LA OCURRENCIA DE NUESTRAS ESPECIES

Coordinador: Frida Piper

LAS RESERVAS DE CARBONO NO PROMUEVEN SOMBRA-TOLERANCIA EN ESPECIES ARBÓREAS DE SUDAMÉRICA
(Carbon storage does not promote shade tolerance in southern South American tree species)

Piper, F.¹, ¹ Centro de Investigación en Ecosistemas de la Patagonia.

La herbivoría en el sotobosque es un factor limitante del establecimiento de especies arbóreas. Se ha planteado que gracias a altos contenidos de reservas de carbono (C) en tejidos heterotróficos, las especies sombra-tolerantes son capaces de tolerar herbivoría en sombra. Esta hipótesis predice mayores concentraciones y/o contenidos de carbohidratos no estructurales en especies sombra-tolerantes que en especies sombra-intolerantes creciendo bajo dosel. En este estudio examiné la relación entre reservas de C y sombra-tolerancia en el bosque Mediterráneo de Chile central y el bosque lluvioso de la región de Aysén, determinando la concentración de reservas de C y biomasa en tejido aéreo y subterráneo de plántulas de especies arbóreas con diferentes requerimientos lumínicos creciendo naturalmente bajo dosel. Encontré que las concentraciones y contenidos totales de carbohidratos no estructurales en raíces y tallos de las especies sombra-tolerantes fueron iguales o menores que en las especies semi-tolerantes o sombra-intolerantes, tanto en el bosque Mediterráneo como en el bosque lluvioso. Estos resultados no apoyan la hipótesis de sombra-tolerancia mediada por almacenamiento de C en los bosques del sur de Sudamérica. Agradecimientos: Fondecyt Iniciación 11121175

EVOLUCIÓN DE RASGOS FUNCIONALES EN *MYRCEUGENIA* Y SU IMPORTANCIA PARA ENTENDER LA COEXISTENCIA DE ESPECIES HERMANAS (The evolution of functional traits in *Myrceugenia* and their relevance to explain species coexistence)

Pérez, F., Hinojosa, Felipe², Aros, Daniela¹, Lavanderos, Nicolás¹, Gaxiola, Aurora³, ¹Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Chile. ³Departamento de Ecología Instituto de Ecología y Biodiversidad. (Sponsored by Fernanda Pérez)

Comprender cuán evolutivamente plásticos o conservados son los nichos ecológicos, y en general los rasgos funcionales relacionados con el uso del hábitat, es fundamental para dilucidar los procesos ecológicos que gobiernan el ensamblaje de especies, y en particular la coexistencia de especies hermanas. Se ha propuesto que si los rasgos son filogenéticamente conservados, la coexistencia de especies hermanas podría ser favorecida por la existencia de filtros ambientales o impedida por la fuerte competencia generada entre especies muy similares. En el caso de las plantas vasculares, esta competencia podría ser aminorada por segregación en gradientes locales de humedad o de luz. En este estudio examinamos la señal filogenética de las tolerancias climáticas y de rasgos foliares e hidráulicos relacionados con el uso del agua en el género *Myrceugenia*. Además, estudiamos la formación de híbridos a través de marcadores microsatelitales. Encontramos que las tolerancias climáticas están sujetas a una fuerte señal filogenética, mientras que los rasgos foliares (área específica, densidad de estomas, pubescencia) y rasgos hidráulicos (número de vasos xilemáticos) tienden a ser más plásticos. Además encontramos evidencias de hibridación entre dos especies hermanas con rasgos ecofisiológicos muy similares. Concluimos que diferencias en el grado de plasticidad entre rasgos relacionados con el macrohábitat versus microhábitat podrían explicar la coexistencia de especies hermanas de *Myrceugenia* en quebradas, con algunas de ellas habitando en suelos anegados y otras en suelos más secos. Contrario a lo esperado, la similitud entre especies hermanas con rasgos fisiológicos muy similares no lleva a la exclusión competitiva, pero sí a la hibridación. Fondecyt 1141047; ICM P005-02

EVOLUCIÓN DEL NICHU CLIMÁTICO EN *NOTHOFAGUS*: INTEGRANDO REGISTRO FÓSIL, MODELOS DE NICHU Y FILOGENIA (Climatic Niche Evolution in *Nothofagus*: Integrating fossil record, niche modellings and phylogeny)

Hinojosa, L. F.¹, Gaxiola, Aurora²., Pérez, Fernanda³., ¹Laboratorio de Paleoecología, Departamento Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ²Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB) Pontificia Universidad Católica de Chile. ³Departamento Ciencias Biológicas Pontificia Universidad Católica de Chile.

Nothofagaceae es una familia icónica de las floras del hemisferio sur. En la actualidad presenta un rango distribucional desde latitudes templadas alcanzando los trópicos de Australasia y su evolución está ligada a los cambios tectónicos y climáticos de los últimos 65 Ma. Nuevos hallazgos fósiles en el área de Chile Chico depositados durante el Óptimo Climático del Eoceno Temprano (OCET), abren nuevas interrogantes sobre la evolución climática de la familia. En este trabajo evaluamos si *Nothofagus* fue capaz de adaptarse a las condiciones subtropicales del Eoceno temprano y subsecuentemente colonizar latitudes tropicales y templadas, conservando su nicho climático y siguiendo favorables climas subtropicales. Nuestros resultados indican que *Nothofagus* se adaptó a condiciones subtropicales del OCET como consecuencia de un nicho climático realizado más amplio, como lo atestigua el registro fósil. A partir de este nicho subtropical, y siguiendo principalmente un modo Browniano de evolución, Nothofagaceae alcanza latitudes tropicales. El deterioro de las condiciones climáticas durante el Cenozoico provocó una reducción de la amplitud del nicho climático realizado de los taxa templados. Finalmente, las condiciones de aridez en el área de transición trópico-subtrópico de Sudamérica, habría sido una barrera efectiva que impidió la expansión a latitudes tropicales de la familia dentro del continente.

Agradecimientos: FONDECYT 1120215; IEB-P05-002; PFB-23.

RASGOS FUNCIONALES Y COEXISTENCIA DE ESPECIES EN EL BOSQUE CHILENO (Plant functional traits and species coexistence in the Chilean forest)

Fajardo, A.¹, ¹ Centro de Investigación en Ecosistemas de la Patagonia (CIEP).

El uso de rasgos funcionales en plantas ha estado mayoritariamente basado en dispersión y no ha apuntado a los mecanismos que controlan, por ejemplo, el ensamblaje de especies en una comunidad. En este trabajo postulo que la coexistencia de especies se basa en la partición del nicho lumínico mediado por rasgos funcionales. Para esto trabajé en cuatro bosques, donde hice un muestreo exhaustivo a lo largo de un gradiente lumínico, colectando hojas de juveniles a las cuales les determiné la masa foliar por área (LMA, en g m⁻²). El LMA representa un índice de inversión de recursos en la hoja. La expectativa es que los valores de LMA varían de acuerdo a la condición lumínica del sitio y por lo tanto la heterogeneidad espacial del ambiente es un mecanismo que asegura la coexistencia de especies: i.e. una misma especie no puede dominar en todos los ambientes. Mis resultados preliminares muestran una relación positiva entre la diferencia en los valores de LMA y la diferencia en ambiente lumínico en los 4 bosques estudiados. Es decir, que hay un cambio en la dominancia de especies a lo largo del gradiente lumínico. En conclusión, dentro de una misma comunidad el ambiente lumínico a escala fina determina los valores de LMA y sólo las especies que posean tales valores dominarán en cada caso.

Fondecyt 1120171

Taller



SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE

TALLER DE BIOÉTICA

Coordinador: Manuel Santos

ÉTICA Y USO CIENTÍFICO DE MUESTRAS Y/O DATOS GENÉTICOS HUMANOS (Ethics and scientific use of human genetic specimens and data).

Carlos Valenzuela^(1,3), Lucía Cifuentes⁽¹⁾, Manuel J. Santos^(2,3), ⁽¹⁾ Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, ⁽²⁾ Facultad de Ciencias Biológicas y Centro de Bioética, Pontificia Universidad Católica de Chile, ⁽³⁾ Comité de Ética y Bioética, Sociedad de Biología de Chile

Las normativas mundiales sobre uso científico de muestras o datos genéticos humanos para realizar una investigación con objetivo distinto del original para el cual fueron obtenidos, establecen que debe obtenerse el consentimiento de la persona de quién procede esa muestra o dato. Excepcionalmente, se ha autorizado el uso de datos en forma anónima para algunos estudios como por ejemplo, epidemiológicos. El cuidado irrestricto de la identidad del paciente se justifica por el principio de respeto de la confidencialidad y voluntad dirigida de la persona a través de la especificidad del consentimiento informado. Esta confidencialidad se basa en la supuesta propiedad del genoma que la persona tiene, del cual proceden en interacción con el ambiente, todos sus caracteres sujetos a consignación clínica o científica. Pero esta suposición es errónea según la ciencia actual, para la cual la evolución es un proceso que ha sucedido y sigue sucediendo.

En este taller debatiremos sobre los aspectos bioéticos del cómo se ha abordado el manejo de datos y muestras genéticas humanas en la investigación científica en Chile y en la instalación de biobancos genéticos.

Incorporaciones

INCORPORACIONES I EVOLUCIÓN - ECOLOGÍA

COALESCENCIA INCREMENTA EL RANGO DE TOLERANCIA A ESTRÉS ABIÓTICO EN JUVENILES DE *MAZZAELLA LAMINARIOIDES* (GIGARTINALES, RHODOPHYTA)

Coalescence increases the range of abiotic stress tolerance in sporelings of *Mazzaella laminarioides* (Gigartinales, Rhodophyta)

Medina, F.¹., Flores, Verónica¹., González, AV²., Santelices, Bernabé¹.,
¹Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
²Ciencias Ecológicas, Ciencias, Universidad de Chile. (Sponsored by Bernabé Segundo Santelices González)

Teóricamente, el quimerismo incrementa la heterogeneidad genética de los organismos coalescentes, esto podría aumentar la variabilidad fenotípica en las quimeras, permitiéndoles mayor tolerancia a cambios ambientales respecto a individuos no coalescentes. Para poner a prueba dicha hipótesis se comparó la tolerancia a estrés abiótico entre organismos coalescentes y no coalescentes. Se compararon tasas de crecimiento específico diario de discos formados a partir de 1, 5 y 20 carpósporas de *Mazzaella laminarioides*, cultivadas en tres condiciones de temperatura (7, 12 y 25°C) y salinidad (10, 35 y 50PSU). Se estimó el área de los discos y su crecimiento luego de 30 días de cultivo bajo condiciones controladas. Además se calculó sobrevivencia del pool de esporas de la población en estas temperaturas y salinidades, para registrar si existían individuos con fenotipos resistentes a estrés. Los resultados indican que bajo condiciones de estrés, los especímenes no coalescentes disminuyen significativamente su crecimiento específico en comparación a condiciones control. Sin embargo, la reducción de crecimiento disminuye a medida que aumenta el número de esporas coalescentes. El cultivo de poblaciones de esporas indica, la existencia de individuos capaces de sobrevivir a las condiciones estresantes por sí solos. Estos resultados sugieren que los discos quiméricos son capaces de ampliar su rango de tolerancia ante ambientes estresantes, permitiéndoles no solo mantenerse sino que crecer bajo estrés, lo que se podría explicar por un aumento en la plasticidad fenotípica existente en las quimeras debido a su mayor heterogeneidad genética.
FONDECYT 1120129

EL ORIGEN POLIFILÉTICO DEL SALMÓN CHINOOK PATAGÓNICO (The polyphyletic origin of Patagonian Chinook salmon)

Correa, C.^{1,2}., Moran, Paul³., ¹Instituto de Conservación Biodiversidad y Territorio, Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile. ²Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. ³Conservation Biology Division NOAA Northwest Fisheries Science Center.

Experimentación con salmón del Pacífico Chinook (*Oncorhynchus tshawytscha*) se ha desbocado en Patagonia. La especie exótica se ha propagado rápidamente por innumerables ecosistemas acuáticos que nunca antes albergaron salmones anádromos (39-55°S). Sometimos a prueba si su origen filogenético es atribuible a un número de introducciones históricas que utilizaron diferentes stocks, y si es que han surgido parches de linajes como resultado de introducciones sucesivas. Empleamos poderosos métodos de identificación genética de stocks (IGS) desarrollados para el manejo de poblaciones de salmón Chinook en su rango nativo. Específicamente, 87 individuos capturados en cuatro cuencas Patagónicas (39-46°S) fueron genotipados usando un set de 13 loci de microsatélites, y IGS fue usado para asignar cada individuo a una de 167 poblaciones donantes potenciales en Norte América, pertenecientes a 44 grupos evolutivos distintos. Los resultados revelaron dos ensambles

polifiléticos diferentes: uno al norte (39-42°S), compuesto por una mezcla hiperdiversa de linajes originarios de la costa oeste de EEUU, y otro al sur (45-46°S), ampliamente dominado por un linaje del Río Columbia bajo – en total se identificaron 27 poblaciones donantes putativas pertenecientes a 16 grupos evolutivos. Nuestros datos confirman claramente el rol fundador de siembras deliberadas de interés pesquero-comercial en los 1970s y 1980s, así como también de subsecuentes escapes accidentales desde la creciente industria salmónica durante los 1990s. Proponemos que los parches de linajes observados emergieron como resultado de procesos exógenos (i.e., ubicación, tiempo, e intensidad de las introducciones), y endógenos de la especie (patrón de dispersión y procesos densodependientes). La intrincada historia de transferencia-naturalización del salmón Chinook Patagónico ofrece oportunidades únicas para entender dinámicas de colonización y microevolución de especies invasoras.

CONICYT-PAI/Concurso Nacional de Apoyo al Retorno de Investigadores desde el Extranjero #82130009 (CC); NOAA Special Service Award (PM)

VARIACIÓN DE LOS VIENTOS DEL OESTE DURANTE LA ÚLTIMA TERMINACIÓN GLACIAL Y EL INICIO DEL HOLOCENO EN LAGO ESCONDIDO (52°S-71°O), CHILE. (Variation of Westerly Winds during the Last Glacial Termination and the beginning of the Holocene in Lago Escondido (52 °S-71°W), Chile.)

Pesce, O.H.¹., Moreno, P. I.¹.,¹Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad De Chile. (Sponsored by ICM P05?002, NC120066, CONICYT)

El estudio de polen fósil del registro sedimentario de Lago Escondido, un lago de cuenca pequeña y cerrada ubicado en Patagonia Suroeste, permite examinar variaciones en la posición/intensidad de los Vientos del Oeste (VO) sobre la base de cambios en la abundancia de taxa polínicos de vegetación sensible a humedad y temperatura desde la Última Terminación Glacial (UTG) y el inicio del Holoceno, abarcando un intervalo temporal entre 18-10 ka (ka: 1000 años antes del presente). El registro de Lago Escondido muestra altos porcentajes de taxa herbáceos y de plantas acuáticas entre 18-15,6 ka; entre 15,6–14 ka hay disminución de los taxa herbáceos y acuáticos; entre 14-12,5 ka incrementa *Nothofagus* y *Blechnum*; finalmente entre 12,5-10 ka hay dominancia de *Nothofagus* con incremento sostenido hacia los 10 ka de *Isoetes*. La presencia de *Nothofagus* evidencia condiciones climáticas húmedas/templadas; *Isoetes* da cuenta de la disminución del nivel lacustre; el incremento de plantas herbáceas (Poaceae, Asteraceae, Ericaceae, Tipo *Perezia*) indicaría condiciones climáticas húmedas y frías; mientras que las plantas acuáticas (*Myriophyllum*, *Pediastrum* y *Botryococcus*) revelan un incremento en el nivel lacustre. Estos patrones de variación en la vegetación permitirán establecer comparaciones con cronozonas climáticas conocidas tales como el calentamiento Bølling-Allerød (14,7-12,7 ka), el enfriamiento Younger Dryas (13-11,7ka), la reversión fría Antártica (14,5-13,6 ka) y la reversión fría Huelmo/Mascardi (13,4 - 11,5 ka) a escala local, regional y hemisférica con registros recientemente publicados. Esta investigación hace énfasis en la importancia de contar con registros de alta resolución con buenos controles cronológicos para poder realizar comparaciones y evaluar patrones climáticos a escala global.

ICM P05-002, NC120066, CONICYT

INCORPORACIONES II FISIOLOGÍA - BIOLOGÍA CELULAR

LA DENERVACION CAROTIDEA AUMENTA LA SOBREVIVENCIA, MEJORA EL CONTROL AUTONÓMICO Y NORMALIZA LA VENTILACION EN FALLA CARDIACA CONGESTIVA (Selective Carotid Chemoreceptor Ablation Improves Survival Rate, Breathing Disorders And Autonomic Control In Experimental Heart Failure)

Del Rio, R.^{1,2}, Marcus, Noah², Schultz, Harold², ¹Lab. Cardiorespiratory Control, Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Chile. ²Department of Cellular and Integrative Physiology University of Nebraska Medical Center. (Sponsored by Julio Alcayaga Urbina)

Background: Increased sympathetic drive and breathing instability contribute to the progression of chronic heart failure (CHF). Potentiation of the peripheral chemoreflex has been related to cardiorespiratory imbalance in CHF. Since, the carotid body (CB) plays a pivotal role in the increased peripheral chemosensitivity in CHF we hypothesized that selective elimination of the CB neural afferents will improve cardiovascular function, respiratory control and survival rate in CHF animals. **Methods:** Selective denervation of the CB (CBD) was performed on CHF rats (400-500g). Resting breathing and ventilatory responses to hypoxia were measured by whole body plethysmography. Heart rate variability (LF/HF HRV), systolic blood pressure variability (LF-BPV) and spontaneous baroreflex gain (BG) were calculated as index of autonomic function. Activation of pre-sympathetic neurons was assessed in the rostral ventrolateral medulla (RVLM). Cardiac remodeling, arrhythmia incidence and survival rates were also estimated in CHF-rats that undergo CBD. **Results:** CHF rats compared to sham exhibited elevated apnea incidence and hypoxic ventilatory chemoreflex responses along with impaired autonomic balance to the heart. RVLM Fra-1 expression, a sensitivity marker or neuronal activation, was significantly elevated relative to sham control levels. CBD in CHF rats decreased (pre- vs. post-CBD, $P < .05$ for each variable), LF/HF HRV (2.1 ± 0.3 vs. 0.9 ± 0.2), LF-BPV (18.4 ± 4.5 vs. 7.2 ± 2.0 mmHg²), apnea frequency (16.8 ± 1.8 vs. 10.6 ± 0.6 events/h), RVLM Fra-1 expression (1.5 ± 0.1 vs. 0.9 ± 0.1 a.u.), and increased BG (1.0 ± 0.1 vs. 1.9 ± 0.3 ms/mmHg). CHF rats display overt cardiac tissue fibrosis and a greater incidence of arrhythmias. CBD significantly reduced collagen deposition in the heart and the number of cardiac arrhythmias. Importantly, CBD reduced the mortality rate in CHF rats by 40%. **Conclusions:** Our results show that CBD reduces hyper-activation of the RVLM and improves cardiorespiratory control and survival in CHF rats. Together, these results support CBD as a potential therapeutic strategy to control cardiorespiratory alterations during CHF.

Fondecyt #1140275

ESTUDIO DE LA REGULACIÓN DE LA TRANSCRIPCIÓN DIRIGIDA POR EL ELEMENTO HOMOLD EN SCHIZOSACCHAROMYCES POMBE COMO MODELO DE PROMOTORES QUE CARECEN DEL ELEMENTO TATA. (Study of Homold-directed transcription in *Schizosaccharomyces pombe* as a model of TATA-less promoter)

Moreira-Ramos, S¹, Maldonado, Edio¹, ¹Programa de Biología Celular y Molecular, Facultad de Medicina Norte, Universidad de Chile. (Sponsored by Edio Maldonado Maldonado)

La regulación de la expresión génica permite el desarrollo y supervivencia de los organismos, y es controlado en diferentes niveles, siendo uno de los más relevantes el inicio de la transcripción. Actualmente se conoce en detalle el mecanismo de transcripción dependiente de RNAPII dirigido por promotores que contienen el elemento TATA, sin embargo, la mayoría de

los promotores carece de este elemento. Con el objetivo de estudiar la regulación de promotores que no poseen el elemento TATA, en el presente trabajo se estudió la regulación del factor transcripcional Rrn7 de *S. pombe*, proteína de unión del elemento Homold. Los resultados mostraron el arreglo modular de Rrn7, donde el dominio de interacción proteína-proteína se encuentra en el extremo amino-terminal, mientras que el dominio de unión a DNA reside en el carboxilo-terminal. Adicionalmente, se determinó que Rrn7es fosforilado *in vivo*, encontrándose sitios putativos de fosforilación por CK2, fosforilación confirmada por ensayos *in vitro*. La fosforilación de Rrn7 por CK2 inhibió su actividad transcripcional, lo cual se relaciona con una baja en la actividad de unión a DNA. Ensayos de inmunoprecipitación de cromatina mostraron que CK2 se encuentra en los promotores que contienen Homold. Finalmente, incubaciones de cultivos de *S. pombe* con un inhibidor específico de CK2 mostraron un aumento en la expresión de los genes que contienen Homold en sus promotores. Estos resultados contribuyen a describir con mayor detalle el mecanismo de regulación de los genes cuyos promotores contienen la caja Homold tanto en *S. pombe* como en otros organismos más complejos.

Proyecto FONDECYT 1120507

ELUCIDACIÓN DE UNA ARQUITECTURA COMPLEJA DE MODIFICACIÓN GENÉTICA DE FENOTIPOS CARDIOVASCULARES EN VASCULOPATÍAS ASOCIADAS A TGFB (Elucidation of a complex architecture for genetic modification of the cardiovascular phenotypes in TGFβvasculopathies)

Calderon, J^{1,3}, Gallo, Elena², Rykiel, Graham², Habashi, Jen³, Warren, Dan⁴, Avramopoulos, Dimitri³, Dietz, Hal³, ¹Centro de Genética y Genómica, Medicina, Universidad Del Desarrollo. ²McKusick-Nathans Institute of Genetic Medicine, School of Medicine, Johns Hopkins University. ³McKusick-Nathans Institute of Genetic Medicine, School of Medicine, The Johns Hopkins University. ⁴Department of Surgery, School of Medicine, The Johns Hopkins University. (Sponsored by Maria Gabriela Repetto Lisboa)

Loeys-Dietz Syndrome (LDS, MIM#609192/610168), caused by mutations in TGFβ-related genes (*TGFBR1*, *TGFBR2*, *SMAD3* or *TGFBR2*), includes a strong predisposition for arterial aneurysms. Exacerbation of TGFβ deficiency phenotypes is observed on the C57BL/6J (B6) mouse background (compared to 129SvE), but the mechanism is unknown. While aneurysm progression is blunted upon crossing LDS mutations onto B6, these mice show frequent perinatal death due to truncus arteriosus (TA), a heart defect associated with loss of TGFβ signaling. 129SvE *Tgfr2*^{G357W/+} mice were bred to WT mice with extensive recombination between B6 and 129SvE chromosomes and fetuses were phenotyped for TA. Genome-wide-association analysis revealed a major B6 locus associated with TA on chr 9 (LOD=9); a minor linkage signal was apparent on chr X (LOD=2.75). Combinatorial analyses revealed dramatic epistasis between these loci. *Tgfr2* emerged as a promising candidate on chr 9 because of its known function and the presence of strain-specific variation in its 3'UTR. *miR-20b* is encoded within the suggestive peak of association on chr X and is known to target the 3'UTR of *Tgfr2*. A luciferase reporter harboring the B6 *Tgfr2* 3'UTR showed reduced activity when compared to its 129 counterpart ($p < 10E-9$) and was uniquely sensitive to *miR-20b* overexpression, providing precedent that 3'UTR conformation *per se* can influence miRNA performance. B6 vascular smooth muscle cells express less *Tgfr2* protein and exhibit blunted signaling in response to TGFβ, when compared to 129SvE. These data reveal a complex architecture of modification that may prove relevant to other Mendelian disorders and inform therapeutic strategies for LDS and other TGFβ vasculopathies

Fulbright-CONICYT

Loeys-Dietz Syndrome Foundation
Howard Hughes Medical Institutions

BÚSQUEDA DE GENES CANDIDATOS A MEDIAR EL EFECTO PROTECTOR DE LAS LIPOPROTEÍNAS DE ALTA DENSIDAD CONTRA EL DESARROLLO DE LA ATROSCLEROSIS: ANÁLISIS DE UN ESTUDIO OBSERVACIONAL (In search of candidate genes that mediate the protective effects of high-density lipoprotein against atherosclerosis development: analysis of an observational study)

Medina, F. A.¹, Zeller, Tanja², Rotival, Maxime³, Wild, Philipp S.^{4,5}, Münzel, Thomas⁴, Lackner, Karl J.⁶, Ninio, Ewa⁷, Trégouët, David-Alexandre⁷, Cambien, François⁷, Blankenberg, Stefan², Tiret, Laurence⁷, Verdugo, Ricardo A.¹, ¹Programa de Genética Humana, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ²Department of General and Interventional Cardiology, University Heart Center Hamburg. ³Hammersmith Hospital Imperial College London. ⁴Department of Medicine II University Medical Center Mainz. ⁵Center for Thrombosis and Haemostasis, Clinical Epidemiology, University Medical Center Mainz. ⁶Institute for Clinical Chemistry and Laboratory Medicine University Medical Center Mainz. ⁷INSERM UMRS 937 Pierre and Marie Curie University.

Aunque se reconoce que un nivel alto de lipoproteínas de alta densidad (HDL) es un factor protector contra aterosclerosis, todavía no están del todo claro los agentes genéticos y moleculares que median tal asociación. El objetivo de este estudio es identificar genes candidatos cuya expresión pueda explicar tal efecto protector, analizando para esto datos de microarreglos provenientes de un estudio observacional anteriormente analizado por los autores de este trabajo. Un total de 1.466 microarreglos-participantes, con información sobre 17.186 genes cada uno, pasaron los controles de calidad y fueron preprocesados para remover artefactos técnicos. Los análisis incluyeron: un análisis de expresión diferencial respecto a los niveles de HDL y al número de placas ateroscleróticas; la estimación de patrones de expresión génica (grupos de genes que se coexpresan) mediante un análisis de componentes independientes; el modelamiento gráfico de todos los posibles modelos causales en los que participan los niveles de HDL (H), el número de placas ateroscleróticas (P), y cada patrón génico (G); y la estimación de las redes génicas completas más interesantes. Como resultados se encontraron: 3.596 genes asociados a HDL, 258 a placas, y 129 a ambos (FDR < 0.1); 44 patrones de coexpresión génica; y cuatro patrones a favor de modelos causales en los que el patrón media la asociación entre HDL y placas de forma completa (H-G-P) o parcial (H-G-P-H).

Financiado por proyecto FONDECYT 11121666, colaboración ECOS/CONICYT C13S01.

INCORPORACIONES III BOTÁNICA

FERTILIZACIÓN DE SULFATO REDUCE LOS SINTOMAS DE LA TOXICIDAD A LARGO PLAZO DE AL³⁺ EN *LOLIUM PERENNE* (Sulfate fertilization ameliorates long-term Al³⁺ toxicity symptoms in perennial ryegrass (*Lolium perenne*))

Wulff-Zottele, C.¹, Hesse, H.², Fisahn, J.², Vera-Villalobos, H.¹, Bromke, M.², Gialvalisco, P.², Ribera-Fonseca, A.³, Mora, Maria De La Luz³, ¹Departamento Biomédico, Facultad de Ciencias Biomédicas, Universidad de Antofagasta, Avenida Angamos 601, Antofagasta. ²AG Willmitzer Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Am Mühlenberg 1, 14476 Potsdam/Golm. ³Center of Plant-Soil Interaction and Natural Resources Biotechnology, Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN) Universidad de La Frontera. (Sponsored by M. Sc. Nelson Fuentes Escobar)

Effects of the oxanion sulphate on plant aluminum (Al³⁺) detoxification mechanisms are not well understood. Therefore, holistic physiological and biochemical modifications induced by progressively increased doses of sulphate fertilization in the presence of long-term Al³⁺ stress were investigated in the aluminum sensitive perennial ryegrass (*Lolium perenne* L. cvJumbo). Plant growth inhibition induced by Al³⁺ was decreased in response to increasing doses of sulphate supply. Aluminum concentrations measured in roots of perennial ryegrass by atomic absorption spectrometry declined significantly with increasing sulphate concentrations. In parallel, we determined a rise of sulphur in shoots and roots of perennial ryegrass. Inclusion of up to 360 µM of sulphate enhanced cysteine and glutathione biosynthesis in Al³⁺ (200 µM) treated plants. This increase of thiol-containing compounds favored all modifications in the glutathione redox balance, declining lipid peroxidation, decreasing the activity of superoxide dismutase, and modifying the expression of proteins involved in the diminution of Al³⁺ toxicity in roots. In particular, proteome analysis by 1D-SDS-PAGE and LC-MS/MS allowed to identify up (e.g. vacuolar proton ATPase, proteosome b subunit, etc) and down (Glyoxilase I, Ascorbate peroxidase, etc.) regulated proteins induced by Al³⁺ toxicity symptoms in roots. Although, sulphate supply up to 480 mM caused a reduction in Al³⁺ toxicity symptoms, it was not as efficient as compared to 360 mM sulphate fertilization. These results suggest that sulphate fertilization ameliorates Al³⁺ toxicity responses in an intracellular specific manner within *Lolium perenne*.

This work was supported by funding from the Scientific Funds of Universidad de la Frontera (DIUFRO), the Scientific Cooperation Program CONICYT-DFG (069-2009), the Max Planck Society, and Fondecyt Grant 1130655.

FLAVONAS C-GLICOSIDOS PROTEGEN DEL DAÑO GENERADO POR ALTOS NIVELES DE RADIACIÓN UV-B EN EL ECOTIPO ANTÁRTICO DE *COLOBANTHUS QUITENSIS* (KUNTH) BARTL. (Flavone C-glycosides protect against damage generated by high UV-B levels in the Antarctic ecotype of *Colobanthus quitensis* (Kunth) Bartl.)

Contreras, R. A.¹, Arriagada, H., Pizarro, M., Köhler, H., Parada, R., Zúñiga, G. E.¹, ¹Lab. de Fisiología y Biotecnología Vegetal Universidad de Santiago de Chile. (Sponsored by Beca AT24120963 CONICYT.)

Colobanthus quitensis, única dicotiledónea que habita naturalmente la Antártica, está sujeta a variados factores abióticos que son considerados limitantes para el desarrollo del ciclo de vida; bajas temperaturas, alta salinidad, reducida disponibilidad hídrica y altos índices de radiación UV-B, son ejemplos representativos. La tolerancia a UV-B se ha descrito parcialmente en algunas especies, sin embargo, no se han determinado mecanismos asociados, por ello se estudió la relación que existe entre el metabolismo secundario (quien confiere ventajas competitivas entre especies) y la tolerancia a UV-B. Se simuló dos cinéticas de intensidades media y alta, se evaluó la respuesta fisiológica y el metabolismo fenilpropanoide. Los resultados demostraron que la inhibición parcial de la ruta fenilpropanoide confiere un fenotipo sensible a la radiación UV-B, generando daños a nivel del fotosistema-II y oxidativo. Se demostró que la UV-B indujo acumulación de flavonas C-glicósidos (FCG), además de la activación de transcritos de genes relacionados a su biosíntesis y aumento en la actividad de enzimas de la ruta, demostrando la síntesis *de novo* inducida por UV-B; también otros genes asociados a señalización mediada por UVR8 fueron activados, sugiriendo la relación de esta ruta transductora y la activación de la biosíntesis de FCG, los cuales *in vitro* demostraron una potente actividad fotoprotectora, sugiriendo que la tolerancia a UV-B en *C. quitensis* es mediada por FCG.

Beca doctorado CONICYT. Becas de estadía en el extranjero MECESUP2 (UC Davis, USA) y Santander Postgraduate Internationalization Scholarship (Plymouth U., UK)

ADAPTACIÓN AL CONSUMO DE LECHE Y PERSISTENCIA DE LACTASA EN PASTORES DE CABRA DE LA ZONA CENTRO-NORTE DE CHILE. (Adaptation to milk consumption and lactase persistence in goat herders from central-northern Chile)

Montalva, N.^{1,2,3}, Mace, R., Swallow, Dallas³, ¹Antropología, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile. ²Department of Anthropology, Faculty of Social and Historical Sciences, University College London. ³Research Department of Genetics, Evolution and Environment, Faculty of Life Sciences, University College London.

La persistencia de lactasa evolucionó junto al desarrollo del pastoralismo de ordeño en el viejo mundo como una adaptación al consumo de leche en adultos. La difusión de este rasgo constituye uno de los mejores ejemplos de selección natural positiva en humanos. Sin embargo, los mecanismos específicos que confieren ventajas selectivas a la persistencia de lactasa son desconocidos. El consumo de leche animal fue introducido en los últimos 500 años al continente americano. Para entender los efectos evolutivos de esta adaptación alimentaria, se recolectaron datos sobre hábitos alimenticios y reproductivos usando cuestionarios, muestras de DNA, y mediciones de peso y estatura para 450 individuos, durante 10 meses de trabajo de campo en comunidades de pastores de ancestría mestiza de la zona centro-norte de Chile. La secuenciación de la región potenciadora del gen de la lactasa reveló únicamente la presencia de la variante Europea de persistencia de lactasa (-13910*T), en alta asociación (99.64%) con el fenotipo de 41 participantes evaluado usando pruebas de digestión de lactosa. La frecuencia de persistencia de lactasa en esta población (0.38) resultó similar a la encontrada en poblaciones mestizas de América sin patrones de subsistencia pastoralistas. Controlando por ancestría, parentesco, y otras variables, se evaluó la asociación de la persistencia de lactasa con fertilidad, estatura y peso, no encontrándose efectos significativos de la persistencia de lactasa en la fertilidad, pero sí en el índice de masa corporal ($p = 0.001$), y de este último en la fertilidad. Parkes Foundation, Gen Foundation, UCL Grand Challenge of Global Health, y Annals of Human Genetics.



Comunicaciones Libres

ECOLOGIA I

DE SERIES DE TIEMPO A REDES: APROXIMACIONES PARA DETECTAR PROCESOS EN POBLACIONES Y COMUNIDADES (From Time Series To Networks: Approaches To Detect Processes On Populations And Communities)

López, D.¹, Estay, S., ¹Instituto de Ciencias ambientales y Evolutivas, Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Históricamente, las variaciones temporales en la abundancia de los organismos en los sistemas ecológicos han sido abordadas a través del análisis de series de tiempo, las cuales representan un registro de la abundancia de los individuos de una o más especies presentes en una localidad determinada a intervalos regulares. Diversas técnicas en este campo permiten inferir cual(es) son los procesos ecológicos que determinan la estructura de retroalimentación de la serie. En el presente trabajo evaluamos como herramientas metodológicas provenientes de la teoría de redes nos permiten diagnosticar procesos ecológicos en series de abundancias. Se realizaron múltiples simulaciones de series de abundancia bajo distintos regímenes ecológicos tales como competencia interespecífica, depredador-presa y series caóticas., para luego reconstruir las correspondientes redes temporales basadas en métodos de correlaciones, visibilidad, probabilidades de transición y reconstrucciones de fase-espacio. Nuestros resultados muestran que a usando distintas estadísticas descriptivas de la estructura de las redes reconstruidas nos es posible obtener inferencia robusta del proceso ecológico que genera la serie de tiempo original. Estos métodos se plantean como una alternativa a los métodos de diagnóstico tradicionales utilizados en el análisis de series de tiempo ecológicas.

ALOMETRÍA ONTOGENÉTICA DEL CICLO RESPIRATORIO DISCONTINUO EN *AGATHEMERA CRASSA* (Ontogenetic allometry of discontinuous respiratory cycle in *Agathemera crassa*)

Venegas, M., **Veloso, C.¹**, ¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

En insectos en reposo el ciclo de intercambio respiratorio discontinuo presenta tres fases: fase cerrada, en donde no hay intercambio de gases, seguido por una fase "flutter" en la que el intercambio ocurre durante breves aperturas y cierres de los espiráculos y finalmente una fase abierta en la que ocurre la mayor parte del intercambio gaseoso entre el animal y su entorno. En este trabajo se midió la emisión de CO₂ y la duración de los tres componentes del ciclo respiratorio en Chinchemolles (*Agathemera crassa*) durante la ontogenia. Los exponentes de escala obtenidos para la tasa de emisión (ulCO₂/h) son 0,805±0,069 para el total del ciclo IGD, 0,769±0,096 para la fase cerrada, 0,793±0,085 para la fase flutter y 0,931±0,074 para la fase abierta. En relación a los tiempos (minutos) de cada componente del ciclo, los exponentes obtenidos en el análisis de escala son 0,346±0,107 para la duración total del ciclo, 0,285±0,105 para la fase cerrada, 0,464±0,173 para la fase "flutter" y 0,141±0,044 para la fase abierta. Los resultados permiten concluir que la tasa de producción total es isométrica en relación a la masa corporal, sin embargo, durante la fase cerrada, "flutter" y abierta las tasas de emisión siguen una relación de escala, negativa, negativa y positiva, respectivamente. En cuanto a la duración de las fases, las relaciones de escala son isométricas para el ciclo total, pero las fases cerrada, "flutter" y abierta presentan alometría negativa, positiva y negativa, respectivamente.

INTERACCIONES ENTRE LA ARAÑA DEL RINCÓN *LOXOSCELES LAETA* (ARANEAE; SICARIIDAE) Y LA ARAÑA TIGRE: *SCYTODES GLOBULA* (SCYTODIDAE) (Interactions between the Chilean recluse spider *Loxosceles laeta* (Araneae; Sicariidae) and the spitting spider *Scytodes globula* (Scytodidae))

Canals, M.¹, Arriagada, N., Solis, R., ¹Programa de Salud Ambiental, Medicina, Universidad de Chile. ²Ciencias Biológicas animales, Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

En Chile todo el aracnoidismo necrótico es atribuido a la araña del rincón *L. laeta*, una especie que comparte sus microhabitats con la araña tigre: *Scytodes globula*. La última especie ha sido propuesta como un depredador potencial de *L. laeta*. En este trabajo estudiamos la interacción entre ambas especies en encuentros individuales y la posibilidad de regulación poblacional de cohortes de *L. laeta* expuestas a este posible depredador. Encontramos que en la mayoría de los encuentros tienen un resultado favorable para *S. globula* y que esta especie preda también sobre juveniles de *L. laeta* con un claro efecto sobre la mortalidad de esta especie. Estos hallazgos sugieren que *S. globula* puede cumplir un rol en la contención de las poblaciones de *L. laeta* en central Chile. Sin embargo la proporción de encuentros totales y encuentros en que resulta ganadora *S. globula* son insuficientes para asegurar un control biológico. La regulación de la población de *L. laeta* por depredación sería importante porque esta especie en ausencia de depredadores tiene un alto R₀, lo que incide en la epidemiología del loxoscelismo.

Fondecyt 1110058

ESPECIALIZACIÓN INDIVIDUAL DEL NICHITO ISOTÓPICO EN UN ENSAMBLE DE AVES PASERIFORMES DE CHILE CENTRAL (Individual Specialization in the isotopic niche in a passerine bird assemblage of central Chile)

Sabat, P.¹, **Maldonado, K.**, ¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Se ha propuesto que poblaciones generalistas, que utilizan una amplia diversidad de recursos, estarían compuestas por individuos especialistas. Este fenómeno denominado especialización individual (EI), se explicaría por diferencias fenotípicas entre los individuos de una población, las que no serían atribuibles a diferencias en sexo o clase etaria. La EI promovería interacciones de frecuencia-dependencia, participando de procesos de diversificación evolutiva, dinámicas poblacionales e interacciones ecológicas. Paralelamente, la hipótesis de variación del nicho (HVN), predice que especies ecológicamente generalistas exhibirán mayores niveles de EI. En este estudio, se evaluó la HVN en un ensamble de 12 especies de aves passeriformes de Chile central. Para esto, se construyó el nicho isotópico de cada especie, utilizando las marcas isotópicas individuales ($\delta^{15}\text{N}$, $\delta^{13}\text{C}$) que informan del uso de recursos tróficos a distintas escalas temporales (i.e., diferentes tejidos) y se calculó el área de la elipse estándar (AEE) como proxy de la amplitud trófica. Finalmente, se calculó el nivel de EI del nicho isotópico, a través de un índice que incorpora un componente inter e intra individual del uso de recursos (WIC/TNW). Se encontraron diferencias significativas en el área del nicho isotópico entre especies y una relación positiva entre AEE y la magnitud de la EI. Nuestros resultados apoyan lo propuesto en la HVN, donde las especies más generalistas presentaron una mayor diferencia inter-individual en la utilización de recursos tróficos.

FONDECYT 1120276 (PS) & FONDECYT 3120229 (KM)

EFFECTO DE LOS CAMBIOS ESTACIONALES EN LA DIVERSIDAD DE RECURSOS SOBRE LA AMPLITUD Y LOS NIVELES DE SUBDIVISIÓN DEL NICHOTRÓFICO EN DIFERENTES POBLACIONES DE CHINCOLES (*ZONOTRICHIA CAPENSIS*) (Effect of seasonal changes in resource diversity on isotopic niche breadth and subdivision levels in different populations of Rufous-collared sparrows (*Zonotrichia capensis*))

Maldonado, K.¹, López-Morgado, Natalia¹, Sabat, Pablo¹, ¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La Teoría de forrajeo óptimo (TFO), plantea que los individuos son más oportunistas cuando los recursos preferidos escasean, resultando en nichos tróficos individuales y poblacionales más amplios. A su vez, la hipótesis de variación del nicho (HVN), relaciona una mayor diversidad de recursos con poblaciones más generalistas y mayores niveles de especialización individual (EI), producto de que los individuos consumirían recursos diferentes. Los animales, a menudo, enfrentan cambios estacionales en la abundancia y diversidad de alimentos, lo que podría afectar la amplitud y los niveles de EI del nicho trófico. Sin embargo, este efecto sería contradictorio considerando ambas hipótesis. En este estudio, se contrastaron TFO y la HVN en invierno y primavera en cuatro poblaciones de chincoles. Para esto, i) se estimó la diversidad y abundancia de plantas e insectos; ii) se construyó el nicho isotópico ($\delta^{15}\text{N}$ y $\delta^{13}\text{C}$), que informa del uso de recursos tróficos en distintas escalas temporales (diferentes tejidos), iii) se calculó el área de la elipse estándar (AEE) como proxy de amplitud dietaria y iv) se determinó el nivel de EI del nicho isotópico. Encontramos que el AEE, los niveles de EI y la variación inter-individual, se correlacionaron negativamente con la diversidad de plantas. Además, dos poblaciones difirieron en el AEE entre estaciones, siendo ésta mayor en invierno. Los resultados apoyan la TFO: un aumento en la diversidad (y abundancia) de recursos, disminuiría la amplitud del nicho trófico, producto de que los individuos se enfocarían en pocos ítems de mayor calidad.

FONDECYT 3120229 (KM) & FONDECYT 1120276 (PS)

CONSUMO VERSUS OFERTA AMBIENTAL DE RECURSOS TRÓFICOS EN INVERTEBRADOS INTERMAREALES DEL NORTE DE CHILE (Consumption versus environmental offer of food resources in intertidal invertebrates of northern Chile)

Camus, PA.¹, Arancibia, PA.^{2,3}, Avila-Thieme, MI.⁴, ¹Ecología, Ciencias, Universidad Católica de la Santísima Concepción. ²Departamento de Ecología, Ciencias, Universidad Católica de la Santísima Concepción. ³Graduate Program in Ecology and Evolution Rutgers University. ⁴Programa de Magister en Ecología Marina, Ciencias, Universidad Católica de la Santísima Concepción.

La estabilidad de las tramas tróficas comunitarias puede estar influenciada por las conductas y patrones de forrajeo de los consumidores, atributos que varían esencialmente en dos dimensiones que pueden a su vez combinarse: generalistas vs. especialistas, y oportunistas vs. selectivos. Si bien actualmente es claro que los consumidores no especialistas tienden a predominar en la mayoría de las comunidades, la información disponible no va mucho más allá, especialmente en el caso de los sistemas intermareales rocosos. En este contexto presentamos una evaluación de la relación entre patrones de consumo (frecuencia de ocurrencia de presas) y oferta ambiental (cobertura natural de las presas) para siete especies de consumidores intermareales del norte de Chile. El análisis se enfocó en la concordancia entre la frecuencia en la dieta y la abundancia natural como indicador del carácter oportunista o selectivo, considerados respectivamente como el consumo de presas en forma proporcional o no proporcional a la oferta ambiental. Encontramos que si bien en general algunas especies tienden a ser más oportunistas (o menos selectivas) que otras, estas conductas pueden variar fuertemente entre distintos sitios, sugiriendo que la conducta trófica de muchas especies depende en gran medida de factores contingentes. Proyecto Fondecyt 1040425

FUNCTIONAL COMPENSATION AT REGIONAL SCALES: RANGE SHIFT IN INTERTIDAL GRAZERS AND CONSEQUENCES FOR COMMUNITY STRUCTURE (Functional Compensation At Regional Scales: Range Shift In Intertidal Grazers And Consequences For Community Structure)

Aguilera, M. A.¹, Broitman, Bernardo R.¹, ¹Ecología Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (Ceza).

Equivalence in species functional roles could be critical for ecosystem functioning and resilience. Similitude in roles could determine functional compensation among species with similar traits at local scales, but its importance across regional scales remains unexplored. Taxonomically related species with parapatric distributions across part of their range are of great interest, because geographic range shifts may affect functional relationships within the guild over large spatial scales. Through grazer-enclosure/exclusion experiments we examined the potential for functional compensation under potential range expansion/contraction of two phylogenetically related species of grazer i.e. *Scurria viridula* and *S. zebrina*. The two species have parapatric distributions but overlap narrowly in north-central Chile, hence experiments were deployed in two locations within the geographic range of each and a third where they overlap. We found that inside their respective geographic range, each grazer had similar effects on dominant algal abundance, bare rock production and species richness when compared with effects found in the range overlap. Grazing on sessile species composition was dependent on the different sites considered, but was similar at the functional group level. Effects found on monoculture-enclosures at all sites were comparatively similar to polyculture-enclosures, where both species were enclosed together simulating their small-scale spatial distribution found in the range overlap. Our surveys showed the presence of the northern species, *S. viridula*, about 120 km south the previously reported range limits but we found no evidence of *S. zebrina* range contraction. Experimental results and the field evidence of range expansion in one species suggest a high potential for functional compensation in effects between the study species. But population-level effects of both grazers seem to be additive in their range overlap with unpredicted consequences for community structure and coexistence potential.

FONDECYT # 11121360 to MAA, FONDECYT # 1090488 and 1120988 to BRB, and by funds from CEAZA to BRB. and MAA

EL COMPLEJO *ALSTROEMERIA LIGTU* (ALSTROEMERIACEAE) EN CHILE DESDE UNA PERSPECTIVA CITOLÓGICA (The *Alstroemeria ligtu* complex (Alstroemeriaceae) from Chile, a cytological perspective)

Baeza, C.¹, Ruiz, E., Finot, V., González, A., Novoa, P., ¹Departamento de Botánica, Facultad de CCNN y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía, Universidad de Concepción. ³Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ⁴Horticultura Jardín Botánico Nacional.

El género *Alstroemeria*, uno de los más diversificados de la flora de Chile, tiene un enorme interés en floricultura. Está representado por 35 especies, la mayoría de ellas distribuidas entre los 28-38°S, en la zona mediterránea de Chile central. De los 24 taxones que conforman complejos, 18 tienen problemas de conservación, 8 están catalogados como “en peligro” y 10 como “vulnerables”. Uno de estos complejos lo constituye *Alstroemeria ligtu* L. en el que se reconocen tres subespecies: *A. ligtu* ssp. *ligtu*, *A. ligtu* ssp. *simsii* (Sprengel) Bayer y *A. ligtu* ssp. *splendens* Muñoz-Schick. El complejo se distribuye desde Cañete en la provincia de Arauco, hasta el cerro Caquis en la provincia de San Felipe. Desde una perspectiva citológica, las tres subespecies presentan cariotipos muy similares, observándose diferencias muy pequeñas entre los cromosomas, sobre todo a nivel de la presencia o ausencia de microsatélites. Sin embargo, los índices A_1 y A_2 de Romero Zarco permiten preliminarmente distinguir entre las tres subespecies. El presente proyecto tiene el propósito de definir el estatus taxonómico de *A. ligtu*, que tiene su centro de distribución en el hotspot de biodiversidad chilena, y establecer un conocimiento base para el potencial uso de estas plantas con fines ornamentales, programas de mejoramiento genético, y caracterización de procesos microevolutivos.

Financiado por FONDECYT N° 1130349. A. González agradece apoyo de Fondecyt 11110120.

EVOLUCIÓN I

REEVALUACIÓN MOLECULAR DE LA DIVERSIDAD DE ESPECIES EN EL GRUPO *ROSEUS* DEL GÉNERO *EUPSOPHUS* (ANURA, ALSODIDAE) (Molecular reassessment of species diversity in the *roseus* group of the genus *Eupsophus* (Anura, Alsodidae))

Correa, C.¹, Vásquez, D., Castro, C., Ortiz, J. C., Palma, R. E., ¹Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Los anfibios del género *Eupsophus* son un componente importante, por su abundancia y diversidad, de los bosques templados de Sudamérica (36-49°35'S). Actualmente, se reconocen 10 especies, de las cuales ocho pertenecen al grupo *roseus*. Estudios filogenéticos recientes con ADN sugieren que habría una mayor diversidad de especies en el grupo *roseus*, lo cual se suma a varios problemas taxonómicos previos no resueltos dentro del grupo. Un análisis exhaustivo de la literatura, así como numerosas observaciones en terreno, revelan que la mayoría de los caracteres morfológicos utilizados para las descripciones y diagnósticos de las especies exhiben niveles altos de variación intrapoblacional. Aquí se presenta la hipótesis filogenética molecular del género más completa a la fecha, que incluye ejemplares de las 10 especies nominales y de nuevas localidades entre los 36 y 40°S, la cual se complementa con observaciones fenotípicas de ejemplares vivos. Estas observaciones, más los antecedentes de la literatura, indican que no hay caracteres externos que permitan distinguir a las especies nominales por lo que se propone una delimitación de especies basada en la hipótesis filogenética y distancias genéticas. De acuerdo a esta hipótesis, solo habría seis especies en el grupo *roseus*.

Fondecyt 1130467 y 79130032

DIVERSIDAD GENÉTICA, DIVERGENCIA POBLACIONAL Y NÚMERO EFECTIVO DE REPRODUCTORES EN TRUCHA ARCOÍRIS (*ONCORHYNCHUS MYKISS*) EN DOS LAGOS PATAGÓNICOS (Genetic diversity, population divergence and effective number of breeders in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) in two Patagonian lakes)

Cádiz, M.¹, Hernández, C.¹, Galleguillos, R.², Gajardo, G.³, Gómez-Uchida, D.¹, ¹Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Departamento de Oceanografía, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ³Laboratorio de Genética y Acuicultura Universidad de Los Lagos. (Sponsored by Daniel Gómez Uchida)

En este trabajo evaluamos la diversidad genética, divergencia poblacional y número efectivo de reproductores (N_b) de trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*), una especie invasora de gran importancia comercial para la acuicultura y pesca deportiva, en dos lagos Patagónicos: Lago Llanquihue y Lago Todos los Santos. Mientras el Lago Llanquihue es el mayor productor de smolts de salmónidos del país, el lago Todos los Santos está situado en el Parque Nacional Vicente Pérez Rosales, donde la salmonicultura está prohibida por ley. Usando un panel de 94 SNPs, los resultados fueron los siguientes. En primer lugar, encontramos mayor diversidad genética (heterocigosidad esperada) en el Lago Llanquihue que en el Lago Todos los Santos, probablemente debido a la presión de propágulos desde plantales de cautiverio genéticamente distintos. En segundo lugar, la divergencia poblacional fue sustancial entre ambos lagos, posiblemente debido a fuentes de introducción de distinto origen; sin embargo, el grado de divergencia entre las poblaciones dentro de los lagos fue similar. Finalmente no encontramos diferencias significativas entre valores de N_b de ambos lagos, pero sí evidencia de pequeños valores de N_b , sugiriendo que estas poblaciones son genéticamente pequeñas probablemente debido al corto tiempo desde su establecimiento en estos cuerpos de agua.

DIUC 212.113.082-1.0, FONDECYT 1130807, FONDAP 15110027

CONECTANDO EVOLUCIÓN AL CLIMA: RESISTENCIA A TEMPERATURAS MÍNIMAS EN ANGIOSPERMAS DE REGIONES TEMPLADAS (Connecting Evolution To Climate: Minimum Temperatures Resistance Of Angiosperms In Temperate Regions)

Latorre, B. J.¹, Pérez, M. F., ¹Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

El conservacionismo filogenético en la tolerancia a temperaturas bajas explica la tendencia de linajes de plantas a crecer en climas similares, pero a pesar de esto existe poca información corroborando si la resistencia a temperaturas bajas es conservada filogenéticamente. El registro fósil botánico muestra que las especies reaccionaban a los cambios climáticos en el Cenozoico, migrando a áreas en las cuales el clima fuera similar al cual han evolucionado, por esto mismo se ha propuesto que esta restricción a adaptarse a bajas temperaturas explica el porqué muchos grupos tropicales no se expandieron a regiones templadas durante el Mioceno cuando las temperaturas descendieron. En este trabajo se analizó la señal filogenética con mínimos de temperatura geográfica y valores de *hardiness* con el fin de explorar el conservacionismo de hábitat de las especies estudiadas. La muestra incluye 916 especies pertenecientes a la clase Magnoliopsida. Los resultados muestran inherencia filogenética para los datos de *hardiness*, no ocurrió lo mismo con los valores de mínimos de temperatura geográfica, además no se encontró una correlación entre las dos variables estudiadas. Este estudio aportará al entendimiento sobre la retención de características ancestrales en especies a escalas de tiempo evolutivo, la cual se ha convertido en una gran pregunta en el ámbito de la biología evolutiva. Los resultados de este trabajo servirán como herramienta base para estudios en áreas como biogeografía, filogeografía, ecofisiología entre otros.

EVOLUCIÓN DEL TAMAÑO CORPORAL Y REGLA DE BERGMANN EN *LIOLAEMUS* (Body Size Evolution and Bergmann's Rule in *Liolaemus*)

Ruiz De Gamboa, M.¹, Ortiz Zapata, Juan Carlos¹, Hernández Ulloa, Cristián E.², ¹Laboratorio de Herpetología, Biodiversidad y Ecología Molecular, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Laboratorio de Ecología Evolutiva y Filoinformática, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

El tamaño corporal es considerado como uno de los rasgos más relevantes de la adecuación biológica y evolución de los taxa, pues está estrechamente relacionado con la morfología, fisiología, comportamiento y ecología. Una de las reglas ecogeográficas asociadas a su variación es la Regla de Bergmann, que plantea que un tamaño grande sería ventajoso en lugares fríos, debido a la disminución del área superficial expuesta (relación superficie/volumen) que permitiría gastar menos energía en la conservación de temperatura corporal. Sin embargo, otras hipótesis señalan que la disponibilidad de recursos alimenticios y la resistencia a la deshidratación podrían ser más importantes en la variación geográfica y evolución de los tamaños de vertebrados. Para evaluar estas hipótesis se evaluó la correlación entre las variables asociadas a las hipótesis (i.e. índice de vegetación de diferencia normalizada, los promedios de temperatura del cuarto más seco (Bio9) y cálido (Bio10), el Potencial de Evapotranspiración (PET y AET) y el Índice de aridez) y el tamaño corporal por medio del Método Comparativo Filogenético para incorporar los potenciales procesos históricos involucrados. Los resultados apoyan que tamaños corporales grandes en *Liolaemus* han sido seleccionados para resistir a la deshidratación, pues el tamaño aumenta a medida que el ambiente presenta mayor temperatura y aridez, hecho consistente con la Regla de Bergmann inversa, desde una perspectiva climática. Beca Conicyt Doctorado Nacional 2012.

DETERMINANTES BIOGEOGRÁFICOS DE LA DIVERSIFICACIÓN GENÉTICA EN *THYLAMYS ELEGANS* (DIDELPHIMORPHIA: DIDELPHIDAE). (Biogeographic determinants of genetic diversification in the mouse opossum *Thylamys elegans* (Didelphimorphia: Didelphidae)).

Boric, D.¹, Zúñiga-Reinoso, Álvaro², Cancino, Ricardo A.³, González-Acuña, Daniel⁴, Rodríguez-Serrano, Enrique¹, Hernández, Cristián E.¹, Palma, R. Eduardo³, ¹Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ³Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ⁴Departamento de Ciencias Pecuarias, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción.

En el género *Thylamys* se han reportado a los ríos como barreras a la dispersión, limitando la distribución actual e histórica de sus linajes. Particularmente, en *T. elegans* el río Maipo sería un factor importante para la estructuración del linaje norte y sur. En el presente trabajo evaluamos esta hipótesis y la importancia de otros ríos como barreras a la dispersión actual e histórica (i.e. eventos vicariantes) en el rango de distribución de *T. elegans*. Con este fin, se realizó un análisis filogeográfico utilizando el gen mitocondrial *cyt b* para 93 individuos de 37 localidades de *T. elegans*. Lo cual se complementó con análisis de delimitación de especies (PTP - Poisson Tree Processes) y estimación de áreas biogeográficas ancestrales para evaluar la importancia macroevolutiva de los ríos. Los resultados sustentan que *T. elegans* presenta seis linajes. Dos corresponderían a la subespecies *T. e. elegans* y *T. e. coquimbensis*. Los otros 4 linajes corresponderían a linajes no descritos anteriormente. La historia biogeográfica de *T. elegans* fue dominada principalmente por dispersión a gran distancia y en menor medida por ampliación de rango de distribución hacia áreas contiguas y eventos vicariantes. Finalmente, sustentamos que algunos ríos habrían jugado un papel importante tanto en la historia reciente (linajes diferenciados - Microevolución), como antigua (potenciales especies - Macroevolución) de *T. elegans*.

FONDECYT 1140692, 1100558, 1100695, 1130467, 1130948. Escuela Graduados UDEC, Beca de Doctorado Nacional CONICYT 2011.

SOBRE LA IDENTIDAD DE *TELMATOBIUS ZAPAHUIRENSIS* (ANURA: TELMATOBIIDAE): NUEVA EVIDENCIA MORFOLÓGICA Y MOLECULAR (On the identity of *Telmatobius zapahuirensis* (Anura: Telmatobiidae): new morphological and molecular evidence)

Fibla, P., Saez, P., Salinas, H., Sallaberry, M., Méndez, M.¹, ¹Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Los anfibios del género *Telmatobius* Wiegmann 1834 representan un componente nativo de la batracofauna andina. Una notable combinación de factores ha resultado en un pobre establecimiento de límites claros entre las especies de este grupo. Los objetivos del presente trabajo fueron evaluar la separación taxonómica existente entre *Telmatobius pefauri* y *Telmatobius zapahuirensis* integrando nuevas líneas de evidencia, y determinar la identidad de poblaciones de *Telmatobius* sp. presentes en las localidades adyacentes de dichas especies. Utilizando una aproximación taxonómica integrativa, se analizó material histórico (incluyendo el holotipo de *T. pefauri*) y recientemente recolectado. Se evaluó la congruencia entre la evidencia morfológica (análisis multivariado) y la proveniente de la sistemática molecular (Máxima Parsimonia, Likelihood e Inferencia Bayesiana) presentada en este trabajo. El Análisis de Componentes Principales mostró que los ejemplares de *T. pefauri*, *T. zapahuirensis* y los *Telmatobius* sp. de las localidades cercanas poseen una forma morfométrica similar diferenciándose de las otras especies analizadas. Los análisis filogenéticos fueron concordantes con los análisis morfométricos mostrando que *T. zapahuirensis* y los *Telmatobius* sp. de las localidades adyacentes corresponden a un mismo linaje. Esta evidencia sugiere que, por prioridad, *Telmatobius zapahuirensis* correspondería a un sinónimo junior de *Telmatobius pefauri*, y por consiguiente las poblaciones en cuestión corresponderían a *T. pefauri*.

Proyecto FONDECYT 1140540. PFibla agradece a Beca CONICYT Doctorado Nacional

ESTUDIO FILOGENÉTICO DE LOS SIMBIONTES DE CIANOLÍQUENES DEL GÉNERO *PELTIGERA* DE LA RESERVA NACIONAL COYHAIQUE (Phylogenetic study of the symbionts of *Peltigera* cyanolichens from the National Reserve of Coyhaique)

Leiva, D.¹, Carú, M.¹, Orlando, J.¹, ¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Los líquenes son asociaciones simbióticas entre 2 o 3 organismos, entre los cuales hay siempre un hongo (micobionte) y uno o dos fotobiontes. El fotobionte puede corresponder a un alga fotosintética o una cianobacteria, y ambos están presentes en líquenes tripartitos. En este trabajo se estudiaron líquenes bipartitos cuyo micobionte del género *Peltigera* se asocia a cianobacterias del género *Nostoc*. La especificidad de esta asociación se relaciona con el tipo de reproducción que origina al simbiote, en el caso de reproducción asexual (propágulos vegetativos), se mantendría la misma relación simbiótica; mientras que en reproducción sexual (esporas fúngicas), debe generarse una asociación *de novo* con los organismos fotosintéticos compatibles. El objetivo de este trabajo consistió en relacionar la filogenia de ambos simbioses usando marcadores moleculares ribosomales, con la especificidad de la interacción. Se recolectaron 50 talos liquénicos en 2 bosques de *Nothofagus pumilio* de la Reserva Nacional Coyhaique. Se encontraron 3 micobiontes en el primer bosque y 6 en el segundo; mientras los fotobiontes estuvieron representados por 3 cianobiontes en cada uno. Se obtuvo una topología similar en árboles realizados por tres métodos filogenéticos: máxima parsimonia, máxima verosimilitud e inferencia bayesiana. El cianobionte más ancestral y común se asoció a micobiontes relativamente recientes; observándose además alta especificidad para las asociaciones del micobionte más ancestral, el cual se une a un grupo monofilético de cianobiontes.

FONDECYT 11100381.

ALTA ESTRUCTURACIÓN GENÉTICA SUGIERE NUMEROSAS UNIDADES EVOLUTIVAMENTE SIGNIFICATIVAS EN EL CAMARÓN DE VEGA *PARASTACUS PUGNAX* (PARASTACIDAE). (High Genetic Structure Suggests High Number Of Evolutionary Significant Units In The Wet Meadow Crayfish *Parastacus Pugnax* (Parastacidae))

Victoriano, P. F.¹, D'Elía, G.², ¹Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Instituto de Ciencias Ambientales, Facultad de Ciencias, U. Austral de Chile.

Parastacus pugnax es una de las dos especies de este género de camarones dulceacuícolas presentes en Chile. Esta especie endémica es de alta importancia económica y cultural; sin embargo, se sabe poco sobre su biología y patrones de variación geográfica. De esta forma, a pesar de ser un recurso altamente explotado, se desconoce si la especie está compuesta por distintas unidades de manejo y unidades evolutivamente significativas (UESs); conocimiento fundamental para implementar eventuales medidas de uso racional de este recurso. Considerando la alta fragmentación del hábitat que la especie ocupa y su baja vagilidad, se planteó como hipótesis de trabajo la ocurrencia de alta diversidad genética interpoblacional. Para ello, con el fin de caracterizar el patrón filogeográfico de la especie analizamos, como una primera aproximación, los niveles de variabilidad genética, dentro y entre poblaciones, mediante secuencias del gen mitocondrial COI, en parte del rango de distribución de *P. pugnax*. Secuencias de individuos provenientes de 15 localidades distribuidas en distintas cuencas hidrográficas de su rango centro-sur muestran altos niveles de variación genética la que es estructurada genealógica y geográficamente. Un análisis bayesiano espacialmente explícito confirmó un alto número de poblaciones de distribución restringida. Los resultados son discutidos en términos de las probables causas históricas que darían cuenta del patrón recuperado, de los alcances en el contexto de la conservación de linajes intraespecíficos de *P. pugnax* y en un contexto taxonómico.

FONDECYT 1120872. FONDECYT 1141055

MICROBIOLOGÍA-INMUNOLOGÍA Y GENÓMICA

PHYLOGENETIC EVIDENCE FOR INDEPENDENT ORIGINS OF ROUTINE TRICHROMACY IN APES AND OLD WORLD MONKEYS (Phylogenetic Evidence For Independent Origins Of Routine Trichromacy In Apes And Old World Monkeys)

Toledo-Villalobos, J.¹, Opazo, J.C.¹, ¹Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Primates are unique among mammals in having a substantial diversity in the type of vision they possess. Catarrhine primates, the group that includes apes and Old World monkeys, are characterized by possessing routine trichromacy, as they have in their genomes the short, medium and long wavelength sensitive opsin genes. It has been proposed that routine trichromacy was originated by a single gene duplication event in the last common ancestor of the group. An alternative hypothesis postulates that routine trichromacy originated in the common ancestor of anthropoid primates; however, in New World monkeys the medium wavelength sensitive opsin gene would have been removed from their genome. The aim of this study is to unravel the history of duplication of the X-linked opsin genes, in order to understand the origin of routine trichromacy in catarrhine primates. Surprisingly, results from our study do not match with any of the proposed hypotheses, and show that routine trichromacy in apes and Old World monkeys originated independently in the last common ancestors of each group, and not in the last common ancestor of catarrhines or anthropoid primates as previously thought. Our data provide evidence that in both groups, descendent copies of the same ancestral gene may have been independently neofunctionalized to originate the same phenotype in both lineages.

Keywords: color vision, opsin, gene duplication, gene family evolution, neofunctionalization.

This work was supported by the Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDECYT 1120032).

LAS CÉLULAS MADRE MESENQUIMALES DEFICIENTES EN IL17RA PIERDEN SU CAPACIDAD INMUNOSUPRESORA. EVALUACIÓN *IN VITRO* E *IN VIVO* EN MODELO DE EAE (Mesenchymal Stem Cells deficient in IL17RA lose their immunosuppressive capacity. In vitro and in vivo evaluation on EAE model)

Kurte, M.¹, Luz-Crawford, P.², Vega-Letter, A. M.², Fernández, C.¹, Djurdj, F.², Carrión, F.¹, ¹Laboratorio de Inmunología, Facultad de Medicina, Universidad De Los Andes. ²Montpellier Inserm, U 844, Montpellier. (Sponsored by Carlos Irrázabal)

Mesenchymal Stem Cells (MSC) have potent immunosuppressive properties by which has been proposed like new therapy for autoimmune diseases. MSC are not constitutively immunosuppressive, require a "licensing step" provided by inflammatory molecules, like IFN- γ , TNF- α and IL-1b. We postulate that IL-17, also have a role in this "licensing step". In vitro experiments in our laboratory showed that MSC stimulation with recombinant IL-17 as well as supernatants from differentiated Th17 cells, are to induce expression of immunosuppressive molecules such as NO, TGF- β and COX-2, in supernatants, as well as by RT-Q-PCR. We observed, IL17RA is involved in the suppressive effect of MSC during the differentiation process of Th17 cells, because the co-culture of CD4+T cells differentiated to Th17 with MSC IL17ra siRNA lost the ability to inhibit Th17 differentiation, compare to MSC control. We also observe MSC_{IL17RA}

KO partially lose their immunosuppressive capacity on lymphocyte proliferation assay. In vivo evaluation of MSC_{IL17RA} KO was performed on Experimental Autoimmune Encephalomyelitis (EAE). We observed that MSC *wild type* (0.5x10⁶), injection at day5 significantly decreased the clinical score of EAE, surprisingly MSC_{IL17RA} KO (0.5x10⁶) not only lost their immunosuppressive capacity, it worsened the clinical signs of disease, probably due MSC_{IL17RA} KO loss the ability to induce Treg, evaluated by flow cytometry. FONDECYT 1130444.

INTERLEUKIN-1 β AND INTERFERON- γ INCREASE GAD-67 LEVELS AND THE IMMUNOSUPPRESSIVE PROPERTIES OF MURINE MESENCHYMAL STEM CELLS *IN VITRO*. (Interleukin-1 β And Interferon- γ Increase Gad-67 Levels And The Immunosuppressive Properties Of Murine Mesenchymal Stem Cells *In Vitro*.)

González, M.¹, Vilches, R.², Urrutia, M.², Vega, A. M.², Kurte, M.², Carrión, F.², Figueroa, F.², Rojas, P.¹, **Fuentealba, R.²**, ¹Laboratorio de Neurociencias, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. ²Laboratorio de Inmunología Celular y Molecular, Facultad de Medicina, Universidad de los Andes. (Sponsored by Carlos Ernesto Irrázabal Muñoz)

Mesenchymal Stem Cells (MSC) are multipotent cells widely used in regenerative medicine that possess strong immunosuppressive capabilities. Recent studies show that Interferon- γ (IFN- γ), in combination with other pro-inflammatory cytokines, stimulates MSC-mediated immunosuppression. It has been shown that immune system cells do produce and react to neurotransmitters, like γ -aminobutyric acid (GABA), indicating functional interaction between the immune and nervous systems. This neurotransmitter is synthesized from glutamate by glutamic acid decarboxylase (GAD). Two isoforms of different size, subcellular localization and biochemical properties, GAD-67 and GAD-65, do exist in mammals. GABA exerts potent immunosuppressive actions and pre-clinical studies demonstrate its effectiveness in preventing autoimmune diseases. However, it is not known whether GABA biosynthesis relates to the immunosuppressive capabilities of MSC. By using RT-qPCR and Western blot analysis, we determined mRNA and protein levels of GAD-67 and GAD-65 in MSC treated with combinations of IFN- γ and IL-1 β , and the immunosuppressive activities of treated MSC were assessed in co-culture using a CD4+ T-cell proliferation assay. We demonstrate: (1) sufficiency of IL-1 β to increase GAD-67 mRNA levels; (2) requirement of IFN- γ for increased GAD-67 protein levels in IL-1 β /IFN- γ co-treatment; (3) sufficiency of IL-1 β priming to increase MSC-mediated immunosuppression. Our results reveal a selective increase in GAD-67 levels in MSC exposed to pro-inflammatory conditions that agrees with increased immunosuppressive capabilities of MSC. Our results suggest that GAD-67/GABA synthesis might be involved in the immunosuppressive machinery of MSC. Knockdown experiments will allow us to determine GAD-67/GABA role in MSC-mediated immunosuppression.

FAI #INOGTO2012 49MED312 and FONDECYT#1130482

LA TEMPERATURA AMBIENTAL EXPERIMENTADA DURANTE EL DESARROLLO NO AFECTA LOS COSTOS ENERGÉTICOS DE LA RESPUESTA INMUNE EN CRÍAS DE *OCTODON DEGUS* (The ambient temperature experienced during development does not affect the energetic costs of the immune response in *Octodon degus* pups)

Ramirez-Otarola, N.¹, Bargsted, M.-O.², Zaviezo, C.¹, Kalergis, A.M.^{2,3}, Sabat, P.¹, ¹Laboratorio de Ecofisiología Animal, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ²Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ³Departamento de Reumatología, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile.

La temperatura ambiental influye en la mayoría de las funciones biológicas, tales como locomoción o tasas de procesamiento y gasto de energía. En organismos en desarrollo, la temperatura ambiental no solo tendría efectos inmediatos (en términos de sobrevivencia) si no que efectos a largo plazo en la adecuación biológica. Por otra parte, se ha propuesto que la regulación del sistema inmune frente a una infección parasitaria es un proceso costoso en términos energéticos. En este sentido y sumado a los costos asociados a la termorregulación, es esperable que la temperatura ambiental experimentada por los individuos sea un factor clave en la generación de una respuesta inmune. El objetivo de este estudio es evaluar el efecto de la temperatura ambiental experimentada durante el desarrollo sobre los costos energéticos de la respuesta inmune. Para esto, aclimatamos a crías de *Octodon degus* a dos temperaturas (15° y 30°) desde el nacimiento hasta el destete (día 30). Luego de la aclimatación térmica, las crías fueron desafiadas con lipopolisacárido (LPS) o suero salino. La tasa metabólica basal (TMB) previa al desafío no fue afectada por la temperatura de aclimatación, sin embargo las crías aclimatadas a 15°C presentaron una menor masa corporal. No se encontró un efecto de la interacción entre desafío inmune y temperatura en la TMB. Sin embargo, las crías desafiadas con LPS aumentaron la TMB y presentaron una menor masa corporal. Estos resultados demuestran que crías de *O. degus*, desafiadas con un antígeno presentan un aumento de la TMB, probablemente asociado a la respuesta inmune. No obstante, la temperatura ambiental en esta etapa no afectaría el gasto energético asociado a esta respuesta.

Financiado por Beneficio Apoyo de Tesis Doctoral CONICYT N° 21110063 a NRO

ACTIVIDAD METANOGENICA EN SUELOS A LO LARGO DE LA PENÍNSULA ANTÁRTICA (Methanogenic activity in soils along Antarctic Peninsula)

Atenas, A.¹, Casanova Katny, A.², Sossa, K.¹, ¹Laboratorio de Biopelículas y Microbiología Ambiental, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción. ²Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. (Sponsored by María Angélica Casanova Katny)

En ambientes fríos, como la Antártica, los procesos biológicos y biogeoquímicos son más lentos. Es en el suelo donde se lleva a cabo la degradación de la materia orgánica por la acción concertada de microorganismos, bacterias y archaeas, estas últimas comandan la degradación de CO₂ y CO vía metanogénesis, produciendo CH₄, un gas de efecto invernadero como producto final. En este estudio, se determinó la actividad metanogénica máxima (AMM) de suelos antárticos provenientes de diferentes localidades a lo largo de la Península Antártica, a tres temperaturas (4, 15, 32°C) durante un periodo de 30 días (triplicado) y se evaluó la presencia de Archaeas metanogénicas mediante ADN_r16S PCR-

DGGE. Las mayores AMM se obtuvieron a 15 y 32 °C, y se detectó bacterias y arqueas en los suelos antárticos. Con este estudio se logró demostrar que suelos antárticos poseen consorcios metanogénicos con AMM lo que puede brindarnos una mejor idea de su participación en la generación de gases de efecto invernadero, su importancia en los ciclos biogeoquímicos y el cambio climático en esta región tan extrema. Además mediante una optimización podrían ser excelentes modelos para obtención de biocombustibles a gran escala en biorreactores.

FONDECYT 1120895
INACH FR 01-12

ESPECIES FÚNGICAS ASOCIADAS A SÍNTOMAS FOLIARES EN *DESCHAMPSIA ANTARCTICA* BAJO CONDICIONES NATURALES Y DE CALENTAMIENTO PASIVO EN PENINSULA FILDES, ANTÁRTICA MARÍTIMA. (Fungal species associated with foliar symptoms in *Deschampsia antarctica* under natural and passive warming conditions in Fildes Peninsula, Maritime Antarctica.)

Morales-Munita, S.¹, Sanfuentes, E.², Palfner, G.³, Casanova-Katny, A.⁴, ¹Fitopatología, Ciencias Forestales, Universidad de Concepción. ²Fitopatología, Ciencias Forestales, Universidad de Concepción. ³Botánica, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ⁴Microbiología, Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

El calentamiento global ha provocado un aumento de 2,5° C en la Península Antártica en los últimos 50 años, generando un incremento en la colonización y distribución de *Deschampsia antarctica*. Esta nueva condición favorecería el desarrollo de potenciales fitopatógenos. El objetivo de este trabajo es caracterizar e identificar especies fúngicas asociadas a síntomas foliares en *D. antarctica*, bajo condiciones naturales y calentamiento experimental pasivo. Se realizó la cuantificación de los síntomas foliares, y se aislaron especies fúngicas desde síntomas foliares para su identificación morfológica y molecular. Se evaluó la incidencia (número de plantas con síntomas foliares) y severidad (número de macollos con síntomas foliares) en *D. antarctica* entre sitios con condiciones naturales contrastantes (Bahía Fildes versus Mar de Drake) y de champas de *D. antarctica* creciendo 5 años bajo calentamiento pasivo (OTC). Las hojas de *D. antarctica* presentaron decoloración, manchas o bandas necróticas y necrosis parcial. Se identificaron hongos pertenecientes a géneros de patógenos de plantas: *Pythium*, *Leptosphaeria*, *Lewia*, *Alternaria*, *Fusarium* y *Xenostigmata*. Asociado a estos hongos, la incidencia de síntomas foliares no mostró diferencia significativa para las plantas de *D. antarctica* creciendo en sitios naturales y bajo calentamiento pasivo. En cambio, la severidad fue menor en sitios expuestos a Mar de Drake (42%) que en Bahía Fildes (57%) y se cuantificó una severidad mayor bajo condiciones de calentamiento experimental pasivo respecto al tratamiento control (73% versus 54%, respectivamente). El aumento de la severidad de síntomas foliares en *D. antarctica* podría estar estimulado de forma directa o indirecta por el incremento de temperatura (OTC de 2° C), por lo que en ambientes naturales se podría esperar un incremento de la actividad de hongos reconocidos como fitopatógenos.

FONDECYT 1120895.
INACH FR 01-12.
INACH PR 05-12.

DINÁMICA DE COLONIZACIÓN Y ENSAMBLAJE COMUNITARIO EN BACTERIAS DE SUELO. (Bacterial colonization dynamics and community assembly in soil)

Rodríguez-Valdecantos, G.^{2,4}, Sánchez, R.², Urbina, F.², Manzano, M.¹, Lardies, M.A.^{2,3}, González, B.^{4,2}, ¹Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Centro de Estudios en Ingeniería de Sistemas Complejos, Ingeniería y Ciencias, Universidad Adolfo Ibáñez. ³Laboratorio de Ecología Evolutiva, Ingeniería y Ciencias, Universidad Adolfo Ibáñez. ⁴Laboratorio de Bioingeniería, Ingeniería y Ciencias. Centro de Ecología Aplicada y Sustentabilidad (CAPES), Universidad Adolfo Ibáñez. (Sponsored by Bernardo Gonzalez Ojeda)

Comprender los mecanismos que determinan la dinámica comunitaria es una meta central en Ecología. Para las comunidades bacterianas de suelo se han detectado altos niveles de riqueza y diversidad y se destaca además su capacidad de resiliencia ante perturbaciones ambientales. Los objetivos de este trabajo fueron: i) estudiar los cambios en la estructura comunitaria bacteriana durante la colonización de un suelo previamente irradiado, ii) estudiar la dinámica del ensamblaje comunitario a través de la inferencia de redes comunitarias y iii) evaluar la capacidad de resiliencia de las comunidades frente a perturbaciones (un contaminante, un inhibidor de microorganismos eucarióticos). Para esto se utilizó un suelo agrícola, el que fue sometido a irradiación y luego inoculado con suelo sin irradiar (nativo). El diseño consideró tres tratamientos: “control” (1 nativo:19 irradiado), “sin eucariontes” (control+cicloheximida) y “antrópico” (control+ácido-2,4-diclofenoxiacético). Para cada tratamiento se consideraron 11 tiempos de muestreo (de 0 a 300 h) y dos réplicas por muestra. Para cada muestra se extrajo el ADN metagenómico y se realizó un análisis mediante la técnica T-RFLP, utilizando el gen 16S ribosomal como marcador. Para cada set de datos se calcularon los índices ecológicos y se realizó la inferencia de redes ecológicas a través de un modelo tipo Lodka-Volterra. Los resultados muestran que las comunidades bacterianas son resilientes ante las perturbaciones introducidas y el grado de resiliencia se relaciona con el tipo de perturbación. Se observa el establecimiento de redes específicas para cada tratamiento, lo que sugiere que las perturbaciones afectan la capacidad de reestructuración comunitaria. Sin embargo, la comunidad es capaz de adaptarse adoptando una conformación de red tal que semeja lo más posible a la estructura resiliente óptima.

Financiado por proyecto CONICYT FB-0002-2014

ASOCIACIONES SIMBIÓTICAS CON DIFERENTES HOSPEDEROS: ¿COMPARTEN SUS CIANOBIONTES? (Symbiotic associations with different hosts: Do they share their cyanobiont?)

Ramirez, L.¹, Leiva, D.¹, Carú, M.¹, Orlando, J.¹, ¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Las cianobacterias son capaces de establecer simbiosis con una diversidad de hospederos, en cuyo caso reciben el nombre de cianobiontes. En particular las cianobacterias del género *Nostoc*, las cuales también pueden vivir en vida libre, son capaces de formar asociaciones simbióticas con hongos y plantas, entre otros.

Los cianolíquenes son un ejemplo de simbiosis entre hongos y cianobacterias, los cuales pueden ser asociaciones bipartitas (hongo-cianobacteria) o tripartitas (hongo-alga-cianobacteria). Asimismo, se ha descrito un único género de plantas angiospermas, *Gunnera*, que establece una interacción simbiótica con cianobacterias.

El objetivo de este trabajo fue determinar la diversidad de cianobacterias presentes en diferentes asociaciones simbióticas conviviendo en un área reducida.

Las muestras se obtuvieron en un área de 10 m² en el camino a Bahía Exploradores, XI Región, en donde se recolectaron muestras de cianolíquenes pertenecientes a los géneros *Peltigera*, *Placopsis* y *Stereocaulon*; y de plantas del género *Gunnera*. La diversidad de los cianobiontes se determinó mediante secuenciación del gen del Rna16S. Los resultados obtenidos señalan que las cianobacterias estudiadas no son específicas de hospedero, sino que más bien se comparten entre los sistemas simbióticos, relacionándose con la distribución espacial de las muestras en el área de estudio. Las interacciones simbióticas formarían gremios mediados por fotobiontes, los cuales dependerían de un fondo común de simbiontes cianobacterianos disponibles.

FISIOLOGÍA VEGETAL

IDENTIFICACIÓN DE PUTATIVOS MARCADORES ASOCIADOS A LA ACUMULACIÓN DE AZÚCARES Y ÁCIDOS EN VIDES DE MESA, USANDO UNA APROXIMACIÓN TRANSCRIPTÓMICA (RNA-SEQ) (Identification of putative markers associated to sugar and acids accumulation in table grapes, using a transcriptomic approach (RNA-Seq))

Muñoz-Espinoza, C.¹, Di Génova, A. ², Maass, A. ², González-Agüero, M.³, Orellana, A. ¹, Hinrichsen, P.³, ¹Centro de Biotecnología Vegetal Universidad Andrés Bello, ²Centro de Modelamiento Matemático Universidad de Chile, ³INIA La Platina Instituto de Investigaciones Agropecuarias. (Sponsored by Patricio Hinrichsen Ramírez)

Sweetness and sourness are the most important flavor attributes for table grape consumers. Understanding the factors that influence the concentration of acids and sugar in berries is of primary importance for fruit quality improvement. To approach this issue, an RNA-Seq experiment based on Illumina platform was done (16 libraries), using segregants with contrasting phenotypes for sugar content and acidity at phenological stages of 6-8 mm berries and *veraison*, including GA₃ treatments. A group of 124 differentially expressed (DE) genes were obtained when comparing each phenological stage (edgeR p-value < 0.05, FDR < 0.05), 87 genes from 6-8 mm berries and 52 genes from *veraison*. Also, a group of 603 DE genes were obtained comparing both stages treated with GA₃, 570 genes from 6-8 mm berries and 60 from *veraison*. Candidate genes will be validated by Real-Time PCR. Simultaneously, biallelic SNPs and INDELs were identified using GATK software and filtered by VCFtools pipeline. As putative markers, 138 SNPs and eight INDELs were selected. A fraction of them will be validated by qPCR-HRM in order to evaluate their feasibility as markers in assisted breeding programs.

Financed by FONDECYT 1120888

NATURAL PROPERTIES OF CHILEAN NATIVE HONEYS AFFECTED BY THE PRESENCE OF FOUR NEONICOTINOIDS

Mejías, E.¹, Montenegro, G.¹, ¹Ciencias Vegetales, Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile.

In Chile, honeys are produced from native species with important attributes due to its phenolic compounds inherited from specific floral sources.

However, in many cases beehives are located nearby to crops and therefore, there are potential exposition to small amounts of pesticides used for pest control. Thus, those pesticides may affect the final composition of honeys and its natural biological properties may be modified.

Samples of Chilean unifloral honey were obtained from different zones of Chile. By QuEChERS procedure and liquid chromatography (UPLC-MS/MS), the following neonicotinoids were assessed: Imidacloprid, Acetamiprid, Thiamethoxam and Thiacloprid. Honeys with positives results were selected for further studies. The same chromatographic analysis was used for determining the phenolic profiles of those samples. The Folin-Ciocalteu reagent was used for the determination of total phenolic compounds. The measurements of the antioxidant and antiradical activities were made by colorimetric methods (FRAP and DPPH) for detecting the effect of neonicotinoids over these activities.

In this work, the results of the detection of pesticides in Chilean honeys are showed and the changes in their biological activities are discussed. Funded by INICIO VRI-PUC 16/2013 Grant to Dr. Enrique MEJÍAS

PARTICIÓN DEL CARBONO EN VIDES BAJO ESTRÉS HÍDRICO (Carbon partitioning in water stressed grapevines)

Pastenes, C.¹, Franck, N.², Villalobos, L.¹, Ribalta, C.¹, ¹Laboratorio de Fisiología del Estrés en Plantas, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile, ²Laboratorio de Adaptación de las Plantas a la Aridez, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile.

Las relaciones fuente-sumidero determinan el crecimiento, desarrollo y rendimiento en cultivos. Un aspecto poco estudiado es el de los mecanismos de respuesta frente al ambiente, como el estrés hídrico, típico en producción de uva vinífera. En el presente estudio se determinó el efecto de cuatro tratamientos de riego, durante la maduración de bayas, sobre la variación diaria y estacional del carbono no estructural en hojas y asimilación de CO₂, contenido de azúcares en bayas y expresión de genes para proteínas de transporte de sacarosa y hexosas en hojas y bayas. Los potenciales hídricos de medio día variaron entre -0,7 MPa y -1,05 MPa en tratamientos estrés mínimo y severo, respectivamente. Todas las bayas alcanzaron igual concentración de azúcares 20 a 35 días después de envero. El estrés intermedio acelera la descarga de azúcares en bayas, aumentando la abundancia de *VvSUC27*, *VvHT3* y *VvHT5*, solo en envero. Aún cuando la concentración de azúcares es máxima en bayas, los transcritos *VvSUC11*, *VvSUC12*, *VvHT5* y *VvCWI* siguen aumentando. Cuando las bayas completan su contenido de azúcares, la exportación de carbono desde las hojas disminuye, aumentando su contenido de almidón. Bajo estrés, aumentan los transcritos para transporte de sacarosa de células del mesófilo, sin afectar la abundancia de transcritos para carga de floema, sugiriendo una activación de mecanismos que promuevan la carga simplástica. ABA actúa como señal a nivel de bayas, pero no en hojas.

Proyecto Fondecyt 110193

ANTIOXIDANTES NO ENZIMÁTICOS DE HOJAS DE VACCINIUM CORYMBOSUM L. CON APLICACIÓN EXÓGENA DE JASMONATO DE METILO BAJO CONDICIONES DE CAMPO. (Non-enzymatic antioxidants of *Vaccinium corymbosum* L. leaves with exogenous methyl jasmonate application under field condition.)

Reyes-Díaz, M.^{1,2}, Lobos, T.³, Ribera-Fonseca, A.⁴, Alberdi, M.^{1,2}, ¹Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Universidad de La Frontera, ²Center of Plant-Soil Interaction and Natural Resources Biotechnology, BIOREN-UFRO, Universidad de La Frontera, ³Programa de Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales Universidad de La Frontera, ⁴Departamento de Producción Agropecuaria, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Universidad de La Frontera. (Sponsored by Marjorie Marianela Reyes Díaz)

Highbush blueberry (*Vaccinium corymbosum* L.) is widely cultivated in southern Chile, representing an economically important crop, being a good antioxidant source. Likewise, it is observed a beneficial effect on the induction of antioxidants by exogenous application of methyl jasmonate (MeJA). Studies about the effect of MeJA applications on highbush blueberry are scarce. Thus, the aim of this study was to determine the effect of sprayed exogenous MeJA on non-enzymatic antioxidants of highbush blueberry cv. Legacy under field conditions. Productive blueberry plants from Agrícola Trucao farm located in region de Los Lagos, Chile were used. The experimental design was a randomized complete block with five treatments and 15 plants per treatment. The plants were sprayed with different MeJA concentrations (control, 0.01 and 0.05 mM) using a backpack sprayer. One group of plants was sprayed for one opportunity at the same concentrations mentioned above at pre-harvest stage. Another group was subjected to the same MeJA treatments for two times (pre-harvest and at the half period of harvest). Thereafter, three samplings

of leaves were performed: one at the beginning, at half and at the end of harvest. The antioxidant activity (DPPH method), total phenols (Folin-Ciocalteu), flavonoids (aluminum chloride method) and anthocyanins (differential pH) were determined. It was found that the antioxidant activity increased with one MeJA application at each treatment, while flavonoids did not change in any treatments. The total phenols were only maintained with one application of 0.05 mM MeJA, decreasing significantly with other treatments. Similar tendency was observed in anthocyanins. Thus, we conclude that one MeJA application could be used for maintaining the non-enzymatic antioxidants in leaves of *Vaccinium corymbosum* L during the harvest period.

Acknowledgements: FONDECYT N°1120917, CONICYT fellowship and Agrícola Trucao farm

GRAN RESISTENCIA A LA SEQUÍA Y ALTO CONTENIDO PROTEICO EN QUINOA...¿ALGUNA RELACION? (Great drought tolerance and high protein content in quinoa...someone relationship?)

Bascuñán, L.¹, Reguera, M.², Blumwald, E.², Abdel-Tawab, Y.², ¹Fisiología Vegetal CEAZA. ²Plant Reproductive Biology Universidad de California, Davis.

Chenopodium quinoa (Amaranthaceae) ha llamado la atención por su altatolerancia a la sequía y a su alto contenido proteico. Es este trabajo se hipotetiza que los reajustes del metabolismo del carbono y nitrógeno que influyen en la tolerancia a la sequía y que promueven una recuperación funcional más rápida de la capacidad fotosintética en quinoa, influyen también en la calidad de la semilla. Faro y BO78, dos genotipos provenientes de diferentes zonas climáticas del centro y sur de Chile, fueron expuestas a un tratamiento de sequía corto (7 días) seguido de rehidratación. El tratamiento produjo el cierre total de los estomas y limitaciones bioquímicas. La mantención de la actividad funcional del fotosistema II (PSII) en condiciones de sequía severa que se correlaciona con la inducción de osmolitos relacionados con Rafinosa y componentes del ciclo de la Urea. En general, Faro tuvo una mayor capacidad de recuperación, mientras BO78 mantuvo un estado oxidativo mayor que afectó la fotosíntesis y la actividad del PSII. Por otro lado, BO78 respondió con un efecto compensatorio sobre las enzimas relacionadas con el metabolismo del nitrógeno como Nitrato reductasa, Glutamina sintetasa y Glutamato deshidrogenasa, aumentando también la cantidad de aminoácidos. El tratamiento de Sequía no indujo disminución del rendimiento en ninguno de los dos genotipos, sin embargo, se observó un incremento en el total de aminoácidos esenciales, en proteínas y antocianinas en BO78. Estos resultados muestran nuevas perspectivas sobre el papel del metabolismo del carbono y nitrógeno en la tolerancia al estrés que conducen a un incremento en el valor nutricional de semillas de quinoa.

Fondecyt de Iniciación 11130480

UV-SUNSCREEN EFFECTS ON THE PHOTOCHEMICAL FEATURES AND OXIDATIVE STRESS IN Highbush BLUEBERRY UNDER FIELD CONDITIONS (UV-Sunscreen effects on the photochemical features and oxidative stress in highbush blueberry under field conditions)

Inostroza-Blancheteau, C.^{1,3}, Reyes-Díaz, M.², Musante, F.³, Acevedo, P.⁴, Alberdi, M.⁵, ¹Núcleo de Investigación en Producción Alimentaria (NIPA-UCT), Facultad de Recursos Naturales, Universidad Católica de Temuco. ²Center of Plant, Soil Interaction and Natural Resources Biotechnology (BIOREN-UFRO) Universidad de La Frontera. ³Escuela de Agronomía, Facultad de Recursos Naturales, Universidad Católica de Temuco. ⁴Departamento de Física, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Universidad de La Frontera. ⁵Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Universidad de La Frontera. (Sponsored by Dr. Claudio Inostroza-Blancheteau)

Highbush blueberry (*Vaccinium corymbosum* L.) production is concentrated in south central Chile, where high UV-B radiation levels occurred, representing a serious risk for biological processes, yield and fruit quality of this genotype. In this study, the UV-Sunscreen effects on photosynthetic photochemical parameters, maximum photochemical efficiency (Fv/Fm), effective quantum yield (ΦPSII) and electron transport rate (ETR) in attached leaves, using a portable pulse-amplitude modulated fluorimeter, oxidative stress (lipid peroxidation, LP) and antioxidant activity (AA) in leaves of blueberry genotypes (Legacy and Bluegold) under field conditions were evaluated. Following UV-Sunscreens were used: (-UV-B, control) (+UV-B/A); and (-UV-B/A). A decrease of Fv/Fm, ΦPSII and ETR was observed in Bluegold (P≥0.05) under the -UV-B/A-Sunscreen, compared to Legacy. Lipid peroxidation was higher in Bluegold under +UV-B/A-Sunscreen whereas in Legacy remained constant in all UV-Sunscreens. In Bluegold a major LP was generally associated to a lower AA than in Legacy. Globally the results indicated that Legacy responded better to UV-radiation under field conditions, suggesting a better physiological and biochemical performance in this cultivar.

Acknowledgments: This study was financed by FONDECYT-Postdoctoral N°3120248.

RESPUESTA ANTIOXIDANTE DE DESCHAMPSIA ANTARCTICA A VARIACIONES EN LOS NIVELES DE RADIACIÓN UV-B (Antioxidant response of Deschampsia antarctica to variations of UV-B levels)

Kohler, H.¹, Contreras, R. A.¹, Pizarro, M.¹, Parada, R.¹, Zúñiga, G. E.¹, ¹Laboratorio de Fisiología y Biotecnología Vegetal, Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. (Sponsored by CONICYT / Proyecto INACH DG_01-12)

La Antártica desde la década de los '70 ha presentado una pérdida de ozono en la estratosfera que ha producido un aumento de los niveles de radiación UV-B, los cuales se incrementan durante la primavera y el verano. Durante esos períodos se han documentado fuertes variaciones en los niveles de radiación UV-B durante el día. La radiación UV-B es una condición ambiental que puede causar estrés en plantas e induce daño directo en macromoléculas, produciendo también un aumento de los niveles de especies reactivas del oxígeno (ROS). *Deschampsia antarctica* es la única monocotiledónea que han colonizado de forma natural el territorio antártico marítimo, respondiendo a las condiciones extremas presentes en la Antártica. Nuestro objetivo es analizar la respuesta antioxidante de *D. antarctica* a radiación UV-B en condiciones de laboratorio equivalentes a los niveles de radiación UV-B que se encuentran durante el verano antártico en la península Fildes. Los resultados no muestran un daño asociado a membranas, sin embargo, existe un aumento en el nivel de los fenoles totales y en la respuesta antioxidante no enzimática medida a través de los métodos de DPPH y FRAP. La actividad antioxidante enzimática mostró un aumento de la superóxido dismutasa (SOD) y las peroxidasas totales (GPX). Esto indica que *D. antarctica* responde a la radiación UV-B evitando un aumento en los niveles de ROS.

LA TOLERANCIA A LA DESHIDRATACIÓN EN EL MUSGO *SANIONIA UNCINATA* ES MEDIADA POR OLIGOSACÁRIDOS DE LA FAMILIA DE LAS RAFINOSAS (The desiccation tolerance in the moss *Sanionia uncinata* is mediated by raffinose family oligosaccharides)

Pizarro, M¹., Contreras, R. A.¹., Köhler, H.¹., Zúñiga, G. E.¹, ¹Laboratorio de Fisiología y Biotecnología Vegetal, Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. (Sponsored by CONICYT)

La tolerancia a la desecación se define como la capacidad de una planta de revivir luego de un evento de desecación (5-10% de contenido de agua). Se ha postulado que los mecanismos de tolerancia son primitivos, ya que es una característica común en los primeros linajes de plantas, como es el caso de los musgos cuyo origen fue hace 504 millones de años, durante el ordovícico, periodo de ambiente extremo por los numerosos eventos de sequía y baja humedad ambiental. Actualmente uno de los ambientes más extremos, es el territorio antártico marítimo, debido a los altos niveles de radiación ultravioleta, salinidad, bajas temperaturas y vientos huracanados, lo que ha restringido el desarrollo de plantas vasculares pero en menor grado la presencia de plantas no vasculares como las briofitas entre las cuales destaca el musgo *Sanionia uncinata* (Amblystegiaceae), el principal colonizador de la Antártica marítima, sin embargo, no se han descrito los mecanismos que le permiten la tolerancia a este ambiente. Estudios recientes en el LFBV-USACH, han demostrado que *S.uncinata* presenta oligosacáridos de la familia de las rafinosas, pero se desconoce su participación cuando este musgo es sometido a deshidratación, es por esto que se postula que la tolerancia a la desecación en el musgo antártico *S. uncinata* es mediada en parte por el aumento de los niveles de oligosacáridos de la familia de las rafinosas.

ECOLOGÍA II

EVALUACIÓN DEL USO ANTRÓPICO DE LA DISTRIBUCIÓN POTENCIAL DE *CHLORAEA CUNEATA* LINDL. (ORCHIDACEAE) (Anthropic use evaluation on the potential distribution of *Chloraea cuenata* Lindl. (Orchidaceae))

Romero, C^{1,2}., Alarcon, D.^{1,2}., Cavieres, L. A.^{1,2}., ¹ECOBIOISIS, Departamento de Botánica Universidad de Concepción. ²Instituto de Ecología y Biodiversidad IEB. (Sponsored by Lohengrin Alexis Cavieres González)

Chloraea cuneata es la única orquídea endémica de la Cordillera de Nahuelbuta, Chile, considerada En Peligro Crítico. Su actual distribución se limita a 8 localidades ubicadas en zonas altas de dicha cordillera (650-1200 m.s.n.m), preferentemente en vegetación nativa y sólo una de ellas representada en SNASPE. Utilizando modelamiento de nicho ecológico elaboramos un modelo predictivo empleando variables ambientales asociadas a restricciones de energía y disponibilidad hídrica. Comparamos la distribución potencial obtenida con coberturas del catastro de bosque nativo, obteniendo una superficie de 674,5 km² para la especie. El 30% de ésta se encuentra sometida a presiones antrópicas directas. Además, 6 de los 8 puntos validados para *C. cuneata* asociados a vegetación nativa se encuentran en sectores de alta exposición y riesgo, que sumados al creciente cambio de uso del suelo en esta cordillera, hacen urgente un plan específico para monitorear y conservar sus exiguas poblaciones, que incluya prospectar eventuales nuevas localidades considerando el modelo desarrollado en este trabajo.

CONAF, IEB P05-002 FICM PFB-023, CONICYT-PCHA/Doctorado Nacional/2014-21140946, Forestal Arauco y Bioforest.

BIO-METEORIZACIÓN EN BOSQUES TEMPLADOS LLUVIOSOS DEL CENTRO-SUR DE CHILE. (Bio-weathering in Temperate Rainforest of South-central Chile.)

Marín, C.¹., Godoy, R.¹., Boy, J.²., ¹Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. ²Institut of Soil Science, Faculty of Natural Sciences, Leibniz University Hannover, Germany. (Sponsored by Roberto Godoy)

Los bosques de coníferas y *Nothofagus* del cono Sur de América exhiben marcado aislamiento geográfico, por las extremas características orográficas, climáticas y condiciones del suelo. Se ha propuesto que las asociaciones micorrízicas jugarían un rol de vital importancia en los ciclos biogeoquímicos, particularmente en la adquisición de nutrientes limitantes y estabilidad del ecosistema bajo condiciones naturales restrictivas. Un patrón general de la flora vascular en los bosques templados lluviosos del centro-sur de Chile, indica un dominio del tipo micorrízico arbuscular en Pteridófitas, Gimnospermas y Angiospermas. El tipo ectomicorizas es exclusivo del género *Nothofagus*. El presente estudio plantea que la biometeorización es una estrategia relevante bajo escenarios medioambientales restrictivos y que las micorrizas constituyen una alternativa de meteorización biogénica, para la obtención de nutrientes considerados de importancia en la nutrición vegetal y funcionamiento del ecosistema.

Se informa sobre un diseño experimental de meteorización biogénica en bosques lluviosos de P.N. Puyehue, Centro Sur de Chile y los primeros resultados de exposición *in situ* de minerales test. Aproximaciones metodológicas de Microscopia Confocal Laser y Microscopia Electrónica de Barrido, así como caracterización de la biota mediante técnicas de Biología Molecular, pueden informar sobre los mecanismos causales o grupos funcionales que participan en la Biometeorización. Proyectos: MECESUP AUS 1203, Fondecyt 1141060, DFG-BO 3741 3-1.

¿AFECTA EL STRESS HÍDRICO LA GERMINACIÓN DE SEMILLAS DEL CACTUS CANDELABRO (*BROWNINGIA CANDELARIS* (MEYEN) BRITTON & ROSE)? Does water stress affect germination behaviour in *Browningia candelaris* (Meyen) Britton & Rose)?

Sandoval, A. C.¹, León-Lobos, P.^{1,2}, Hutchings, M. J.³, Pritchard, H. W.⁴, Seal, C.⁴, ¹Banco Base de Semillas Instituto de Investigaciones Agropecuarias. ²Ciencias Biológicas Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas. ³School of Life Sciences Universidad de Sussex. ⁴Seed Conservation Department Royal Botanic Gardens Kew.

La disponibilidad hídrica limita la regeneración de plantas en sistemas áridos. El actual cambio climático vaticina una disminución de precipitaciones que agravan esta situación. Cactáceas sobreviven en estas condiciones, pero ¿serán capaces de tolerar una acentuación de la aridez? Para ponerlo a prueba, semillas de *Browningia candelaris*, una cactácea columnar en categoría vulnerable, que habita entre 2000 a 3000 msnm, en el extremo norte de Chile (18°15'S-20°31'S), fueron sometidas a condiciones de stress con el fin de evaluar el comportamiento de la germinación. Se compararon dos niveles de stress hídrico simulados con polietilenglicol (PEG 6000), potenciales de -0,5 y -1,0 MPa, con una condición de disponibilidad hídrica óptima. Un cuarto tratamiento simuló disponibilidad hídrica intermitente, con ciclos de imbibición (48 h) y deshidratación (96 h). Se construyeron las curvas de imbibición y se evaluó el porcentaje de germinación y su velocidad a través de T_{50} (días en alcanzar el 50% de la germinación máxima obtenida). La germinación varió entre $47,5\% \pm 15,0$ y $58,8\% \pm 13,1$ (promedio $\pm$ D.E.), sin observarse diferencias entre las condiciones ensayadas (Kruskal-Wallis, $\chi^2=2.11$, $p>0.05$). La velocidad de germinación mostró diferencias entre los tratamientos (Kruskal-Wallis, $\chi^2=11.21$, $p<0.05$), resultando levemente favorecida por los ciclos de hidratación y deshidratación. Estos resultados permiten afirmar que semillas de *B. candelaris* son capaces de embeberse y germinar en condiciones de baja disponibilidad hídrica, incluso a niveles donde otras cactáceas ven inhibida completamente su germinación.

Agradecimientos: CONICYT- Beca de Magister en el Extranjero; Millennium Seed Bank Partnership RBG-Kew, Reino Unido; Proyecto Red de Bancos de Germoplasma.

LA RESPUESTA FOTOBIOLOGICA DEL ALGA PARDA ANTÁRTICA *DESMARESTIA ANCEPS* A LA RADIACIÓN UV ES MODIFICADA POR LA TEMPERATURA (Photobiological response of Antarctic brown algae *Desmarestia anceps* to UV radiation is modified by temperature)

Muñoz, P.^{2,1}, Flores-Molina, M. R.^{2,1}, Rautenberger, R.², Díaz, M. J.², Garrido, I.², Cubillos, V. M.², Valdivia, N.², Huovinen, P.², Gómez, I.², ¹Doctorado en Biología Marina, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. ²Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

En la Antártica, el aumento local de las temperaturas y radiación UV debido a la disminución de la capa de ozono son considerados como dos importantes manifestaciones del cambio climático global que amenazan la fisiología de las algas marinas. La consecuencia pueden abarcar a toda la estructura y funcionamiento de ecosistemas marinos en esta región. Las especies del Género *Desmarestia*, se desarrollan y crecen adaptadas a bajas temperaturas (0-2°C) y muy bajas condiciones de luz. En el presente trabajo se analiza las respuestas fisiológicas de la especie endémica *Desmarestia anceps* ante diferentes temperaturas y radiación UV en el laboratorio. Se midió la eficiencia fotosintética a través de fluorescencia de clorofilas del fotosistema II (PSII) (Fv/Fm) y la producción de compuestos fenólicos (florotaninos). Las algas fueron obtenida en Isla Rey Jorge,

Antártica a 15m de profundidad siendo expuestas por 0, 2, 6, 24 y 48 horas a tres temperaturas (2,7,12°C) y dos condiciones de radiación (PAR y PAR+UVA+UVB). Los resultados muestran una disminución de la eficiencia fotosintética (Fv/Fm) en todas las temperaturas cuando *D. anceps* fue expuesta a PAR+UVA+UVB. Las concentraciones de florotaninos fueron constitutivamente altos y variaron poco en respuesta a los tratamientos de temperatura y radiación UV. En general, los niveles de florotaninos están relacionados con una mayor fotoprotección de la fotosíntesis. Estos resultados sugieren que las algas son organismos ancestrales que han sobrevivido a procesos de calentamiento y glaciaciones teniendo un background genético que les permite responder de manera estable fisiológicamente en un rango de temperaturas.

Proyecto ANILLO ART1101

METEORIZACIÓN BIOGÉNICA EN SUELOS DESDE EL RETROCESO DEL GLACIAR EN LA ANTÁRTICA. (Biogenic weathering in soils of the glacier retreat in the Antarctica).

Godoy, R.¹, Boy, J.^{*2}, Shibistova, O.^{*2}, Aguirre-Morales, M.², Boy, D.², Mikutta, R.², Guggenberger, Georg.², ¹Ciencias Ambientales y Evolutivas, Ciencias, Universidad Austral de Chile. ²Institut of Soil Science, Leibniz University Hannover, Germany.

La meteorización es de mayor importancia para el soporte de la vida en la tierra, convirtiendo el sustrato en suelo y liberando nutrientes para los organismos. Existe una fuerte evidencia que la meteorización inducida por la biota, puede contribuir en mayor grado que la meteorización físico-química, y es un proceso activo, gatillado por la fotosíntesis. El objetivo del proyecto es determinar la contribución de la biota hacia los procesos de meteorización durante la formación de suelo y determinar la sucesión de organismos a lo largo de una cronosecuencia en la Antártica. De esta forma, minerales test (sin meteorización), serán expuestos *in situ* en cada sitio seleccionado para cada etapa de desarrollo del biogeosistema. Después de un tiempo de exposición de 1 y 2 años, los montos de meteorización por la biota serán analizados por microscopía confocal de barrido láser y microscopía electrónica de barrido y relacionados al grupo funcional de organismos presentes, como también con variables físico-químicas del suelo, contenido de clorofila y C orgánico en suelo. Con esto se espera clarificar si el proceso de meteorización biogénica es un proceso activo, direccional, incluyendo la selectividad de nutrientes por organismos que contribuyen a la meteorización en los estadios sucesionales tardíos.

Proyectos: INACH T28-11, DFG BO 3741 2-1.

SIMULACIÓN DE CAMBIO CLIMÁTICO EN UN BOSQUE TEMPLADO LLUVIOSO CHILENO: DESAFÍOS METODOLÓGICOS Y RESULTADOS PRELIMINARES (Climate change simulation in a Chilean temperate rainforest: methodological challenges and preliminary results)

Jiménez-Castillo, M.¹, Torres-Morales, P.¹, Vergara, N.², ¹Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. ²Laboratorio de Ecología Funcional Vegetal, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

El cambio climático representa un serio desafío para científicos y tomadores de decisión, en orden de anticipar sus futuras consecuencias sobre la biodiversidad, así como desarrollar estrategias y políticas de conservación. Los modelos climáticos proyectan para el centro sur de Chile una reducción de precipitaciones de entre un 25 a 30% en los próximos 50 años, pudiendo llegar a un 40% para fines de siglo. Este escenario podría generar un fuerte déficit hídrico en los bosques con un impacto no dimensionado sobre el crecimiento, reproducción y sobrevivencia de

las especies, así como la dinámica y productividad de los bosques. Para anticipar los efectos de la sequía sobre el desempeño de las especies, hemos desarrollado un experimento de reducción de precipitaciones en el interior de un bosque adulto. Construimos 9 parcelas de 35x35m con exclusión de lluvias equivalentes a 0%, -15% y - 30%. Discutimos aquí los desafíos metodológicos involucrados, y presentamos resultados preliminares luego de un año de corrido el experimento. Estos indican una respuesta diferencial de las especies a la sequía, mostrando un reducción de las tasas de crecimiento superior al 60% en especies como *Nothofagus obliqua*, *Laureliopsis philippiana* y *Podocarpus saligna*. Además, se evidencian ajustes en el índice de área foliar entre especies (LAI), al parecer, como una estrategia dirigida a evitar la pérdida de agua por transpiración bajo sequía.

FONDECYT 1130898

EFFECTO DEL CALENTAMIENTO SOBRE LA ACTIVIDAD FOTOQUÍMICA DE *COLOBANTHUS QUITENSIS* (KUNTH) BARL. (Warming effect on photochemical activity of *Colobanthus quitensis* (Kunth) Barl)

Venegas, R.¹, Sáez, P.¹, Sanhueza, C.², Cavieres, L.², Bravo, L.³, ¹Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción. ²Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ³Departamento de Ciencias Agronómicas y Recursos Naturales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Universidad de La Frontera. (Sponsored by León Bravo Ramírez)

Colobanthus quitensis es una de las dos plantas vasculares presentes en la Antártica. Estudiar los efectos del cambio climático sobre su actividad fotosintética es esencial para dilucidar posibles consecuencias biológicas del calentamiento. Debido a que un incremento de la temperatura puede generar cambios en el régimen hídrico, se evaluó el efecto de calentamiento a contrastante condiciones de disponibilidad hídrica. Se establecieron plantas a 5°C y 11°C bajo riego y sequía. Se postuló que una mayor temperatura favorecería la fotoquímica de *C. quitensis* bajo alta disponibilidad hídrica. Se evaluó la partición de la energía lumínica a través fluorescencia de clorofila a del PSII, pigmentos fotosintéticos y proteínas tilacoidales. Los resultados muestran que plantas a 5°C están adaptas al frío presentando un gran desarrollo de mecanismos protectores (eficiencia de NPQ y contenido de xantófilas). Independiente de la temperatura de crecimiento, los pigmentos y proteínas tilacoidales fueron afectados por la sequía, posiblemente debido a la mayor degradación y lenta síntesis de estos compuestos. El incremento de la temperatura produjo un aumento en la actividad fotoquímica de *C. quitensis* en condiciones de alta disponibilidad hídrica, presentándose una menor presión en el fotosistema II y mejorando por tanto la eficiencia fotosintética de este. A corto y mediano plazo, lo anterior podría favorecer la expansión de esta especie en la Antártica, debido a una disminución en los niveles de estrés abiótico.

PIA ART 1102

APORTE DE LOS ESTUDIOS SOCIO-ECOLÓGICOS PARA LA TOMA DE DECISIONES: EL CASO DE LAS ÁREAS PROTEGIDAS PRIVADA EN CHILE (Contribution of socio-ecological studies for policy decision-making: The case of Private Protected Areas in Chile)

Núñez, M.¹, ¹Departamento Manejo de Bosque y Medio Ambiente, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción.

Un 56% del territorio continental de Chile es propiedad privada, alcanzando valores de un 95% en la zona mediterránea, donde existe una alta biodiversidad y grado de amenaza a los ecosistemas naturales y menos del 1% de la tierra está protegida por el Estado. Las Áreas Protegidas Privadas (APP) pueden llenar estos vacíos de representatividad, mejorar la conectividad biológica y ser polos de desarrollo sustentable para las localidades rurales. Este estudio busca generar información útil para incidir en la toma de decisiones. Se realizó una búsqueda exhaustiva a escala nacional y se aplicó una encuesta socio-ecológica a los propietarios y gestores de las APP que permitió identificar los principales objetivos y motivaciones, capacidades de manejo, fuentes de financiamiento y los potenciales incentivos que debieran estar presentes en la Ley que crea el Servicio de Biodiversidad y el Sistema Nacional de Áreas Protegidas de Chile.

Desde los años 90 las APP surgen como un fenómeno espontáneo y creciente desde la sociedad civil. Actualmente existen 308 APP (1.651.916 hectáreas) concentradas en las regiones de Los Lagos, Los Ríos, la Araucanía y Bio Bio. La mayoría son pequeñas propiedades (77% < 1.000 ha; 60% < 200 ha), un 53% está en manos de personas naturales y un 83% son administradas por sus propios dueños. Un 63% no presenta un instrumento de planificación. Un 25% opera con un financiamiento menor a 50 UF anuales y un 34% entre 50 y 500 UF anuales. Un 25% realizan actividades productivas que aportan al financiamiento de los proyectos de conservación, tales como el turismo de naturaleza. Se requiere un adecuado reconocimiento, protección e incentivos monetarios y no monetarios para las APP por parte del Estado de Chile, que permitan incrementar la efectividad en el manejo y asegurar la perpetuidad en el esfuerzo de conservación desde la sociedad civil.

Proyecto GEF SNAP, Fundación Senda Darwin, ASI Conserva Chile A.G., Instituto de Ecología y Biodiversidad, Red LTSE, PFB-23

EVOLUCIÓN-ECOLOGÍA

EFFECTOS DE LA DEFORESTACIÓN SOBRE LA SELECCIÓN FENOTÍPICA EJERCIDA POR FRUGÍVOROS SOBRE RASGOS FRUTALES DE *FUCHSIA MAGELLANICA* (Effects of deforestation upon phenotypic selection exerted by frugivores on fruit traits of *Fuchsia magellanica*)

Morales-Paredes, C.¹, Orellana, J. I.², **Valdivia, C. E.³**, ¹Programa de Magister en Ciencias mención Producción, Manejo y Conservación de Recursos Naturales Universidad de Los Lagos. ²Programa de Doctorado en Ciencias mención Conservación y Manejo de Recursos Naturales Universidad de Los Lagos. ³Departamento de Ciencias Biológicas y Biodiversidad Universidad de Los Lagos. (Sponsored by Juan Luis Allendes Barros)

La frugivoría y dispersión de semillas son claves para la adecuación de muchas plantas y animales de bosques. La deforestación usualmente reduce las abundancias de frugívoros, pudiendo reducir la intensidad de la selección ejercida por estos animales sobre rasgos como la forma, tamaño, color, concentración de azúcares y cantidad de semillas. Evaluamos los efectos de la deforestación sobre la selección ejercida por frugívoros en rasgos frutales de *Fuchsia magellanica*, esperando que incrementos en la deforestación disminuyan la intensidad de la selección. Trabajamos en 12 poblaciones y 20 plantas por población en Chiloé y Palena. En cada individuo medimos la forma, tamaño, color, concentración de azúcares y cantidad de semillas. Para evaluar las preferencias por animales colocamos frutos artificiales registrando la identidad y número de ataques por frugívoros. Posteriormente, estimamos los coeficientes de selección direccional, disruptiva/estabilizante y correlacional, dados por frugívoros terrestres y voladores, usando el número de ataques como medida de adecuación. Los frugívoros voladores fueron *Turdus falcklandii*, *Phyrgilus patagonicus*, *Curaeus curaeus* y *Elaenia albiceps* más el terrestre *Liolaemus pictus*. Las medias, varianzas y covarianzas de los rasgos, si bien cambian entre poblaciones, no se correlacionan con el grado de deforestación. Similarmente, la selección sobre rasgos frutales también vario entre poblaciones, pero no con la deforestación. Consecuentemente, *F. magellanica* han experimentado y experimenta actualmente presiones selectivas idiosincráticas que no están gobernadas por el grado de deforestación del ambiente.

Fondecyt 11110230

COMPROMISOS HIDRÁULICOS COMO MECANISMO EXPLICATIVO A LA DIVERSIDAD DE LIANAS EN EL BOSQUE TEMPLADO CHILENO.

(Hydraulic trade-off as explanatory mechanism for the diversity of lianas in the Chilean temperate forest).

Lobos Catalan, P.¹, Jiménez Castillo, M.¹, ¹Instituto Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

A escala global la diversidad de lianas decrece desde el trópico hacia los polos a una tasa mucho más rápida que lo observado en otros grupos de plantas. Esto sería resultado de la incompatibilidad de esta forma de crecimiento con los ambientes fríos. A pesar de su relevancia, no se han evaluado los mecanismos funcionales que explicarían estos patrones. Dadas las características ecofisiológicas de este grupo, se espera que sean las bajas temperaturas su éxito ecológico, debido a su vulnerabilidad al embolismo por frío. El objetivo de esta investigación fue vincular los patrones ecológicos de lianas en el bosque templado lluvioso con el compromiso entre eficiencia y seguridad hidráulica. Para lograr este objetivo, se cuantificó la riqueza y abundancia de lianas en 10 sitios de estudio (36°.35' S hasta los 45° 24'S). Conjuntamente en tres sitios (Nahuelbuta, Puyehue y Aysén) se evaluó la pérdida de conductividad

hidráulica, anatomía vascular y presión de raíz. Los resultados muestran un decrecimiento en el patrón de diversidad. Esto se asociaría al incremento en la pérdida de conductividad hidráulica en latitud (40% Aysén, Puyehue 33% y Nahuelbuta 25%). Por una parte la presión de raíz no incremento en latitud Nahuelbuta con 10 KPa, Puyehue con 30 KPa y Aysén 15 KPa. Sin embargo, la comunidad más austral de lianas podría evitar el embolismo generando vasos xilemáticos angostos y un incremento en su densidad. Así estaríamos dando cuenta de un mecanismo mixto de reversión/evitación del embolismo por frío. En conclusión, nuestros datos sustentan la hipótesis de que el frío es el factor ambiental que restringe los patrones latitudinales de diversidad de lianas.

Beca Doctoral Conicyt N° 21110389; Dirección Estudios de Postgrado UACH; Escuela de Graduados UACH

DIVERSIDAD GENÉTICA DE *MYRCEUGENIA RUFA* Y *MYRCEUGENIA EXSUCCA*, DOS ESPECIES CON RANGOS DE DISTRIBUCIÓN CONTRASTANTES (Genetic diversity of *Myrceugenia rufa* y *Myrceugenia exsucca*, two species with contrasting distributional ranges)

Cossio, M.¹, Irrazabal, C.¹, Peralta, G.¹, Pérez, F.^{1,2}, ¹Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Departamento de Ecología Instituto de Ecología y Biodiversidad.

Las especies con rangos geográficos pequeños pueden ser más vulnerables al cambio climático y a la destrucción de hábitat que las especies con rangos más amplios, y por lo tanto, son de especial preocupación para la conservación de la biodiversidad. En Chile Central, varias especies leñosas están restringidas a las formaciones boscosas presentes en las cimas y quebradas de la cordillera de la Costa, formando poblaciones pequeñas y aisladas. Debido a la alta fragmentación, que probablemente se remonta a los periodos secos que ocurrieron durante las oscilaciones climáticas del Cuaternario, se espera que las especies raras presenten una baja diversidad genética y una fuerte diferenciación poblacional. Para evaluar esta hipótesis, comparamos los patrones de diversidad genética de *Myrceugenia rufa*, una especie arbustiva endémica de Chile Central, restringida a las costas de la IV y V región y catalogada como amenazada, con los de *M. exsucca*, una especie arbórea frecuente que crece entre la IV y X región de Chile y en el sur de Argentina. Se tomaron muestras frescas de 8 poblaciones de cada especie y se analizó el patrón de diversidad genética usando 7 marcadores microsatélites específicos. Se determinó el tamaño de cada fragmento y se cuantificó el número de alelos, la heterocigocidad observada y esperada para cada población. Contrario a lo esperado se encontraron índices de diversidad similares entre ambas especies y bajos niveles de diferenciación poblacional en ambas.

Fondecyt 1141047 e IEB P05-002 ICM

DIVERSIDAD Y DISTRIBUCIÓN DE POLIPLACÓFOROS LITORALES EN EL PACÍFICO SURESTE (Diversity and distribution of polyplacophorans from Southeastern Pacific)

Ibáñez, C. M.¹, Tobar-Villa, C.¹, Pardo-Gandarillas, M. C.¹, Sellanes, J.², Zapata-Hernández, G.², Navarrete, A.³, Sepúlveda, R. D.⁴, ¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile. ²Departamento de Biología Marina Universidad Católica del Norte. ³Departamento de Ecología Pontificia Universidad Católica de Chile. ⁴Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Universidad Austral de Chile. (Sponsored by Christian Ibáñez)

Uno de los patrones biogeográficos más documentados es el aumento de riqueza hacia los trópicos, descrito para crustáceos, peces y cefalópodos en el Océano Pacífico Sureste (PSE). Sin embargo, también se ha registrado el patrón inverso en bivalvos, esponjas, poliquetos, peracáridos y poliplacóforos. Este estudio utiliza como modelo los poliplacóforos del PSE. Recolectamos 3850 ejemplares en terreno desde Ecuador hasta el sur de Chile y revisamos más de 1000 ejemplares de colecciones de museos. Con estos datos se reconstruyeron los rangos geográficos para estimar la diversidad Alfa, Beta y realizar un análisis de endemismo de parsimonia. Los resultados mostraron que la fauna de poliplacóforos del PSE está compuesta por 33 especies, 7 familias y 15 géneros. Un alto endemismo se estimó, conformado por tres grupos de especies de diferentes orígenes biogeográficos (tropicales, templados y fríos). La diversidad alfa de quitones por el PSE mostró un máximo de riqueza alrededor de los 30°S. Este resultado es similar al patrón de dominio medio, sugerido como consecuencia de una alta sobreposición distribucional en latitudes medias, donde las especies de latitudes altas y bajas habitan en simpatria en una zona de transición de contacto. Mientras, la diversidad beta mostró un incremento del recambio máximo hacia latitudes medias (30-40°S). Ambas medidas de diversidad no se correlacionaron espacialmente debido a la gran sobreposición de los rangos geográficos, pero si evidenciaron dos zonas de quiebre biogeográfico, una alrededor de los 30°S y la otra cerca de los 40°S. Por lo tanto estos resultados no apoyan el patrón inverso de diversidad sugerido en la literatura que podría ser consecuencia de una sobreestimación de riqueza y los rangos geográficos.

FONDECYT 1130266

DISCRIMINANDO ENTRE LOS COMPONENTES DE LA HETEROGENEIDAD GENÉTICA INTRA-ORGANISMO (HGI) EN EL ALGA PARDA LESSONIA SPICATA (Discriminating between the components in the intraorganismal genetic heterogeneity (IGH) in the brown macroalgae *Lessonia spicata*)

González, A.V.¹, Santelices, B.², ¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ²Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Aún cuando la heterogeneidad genética intra-organismo (HGI) es frecuente, sólo en algunas especies se ha logrado discriminar entre sus dos componentes: mosaicismos, causado por mutaciones post-cigóticas, y quimerismo, producto de fusiones somáticas entre entidades genéticamente distintas. HGI ha sido descrito en el alga parda *Lessonia spicata*; sin embargo, se desconoce la importancia relativa de estos componentes. Con este objetivo, se colectaron 30 ejemplares provenientes de dos poblaciones. En cada ejemplar, se seleccionaron cinco ejes, extrayéndoles tejido de 4 zonas (disco, base estipe, medio estipe y fronda). Las 600 muestras resultantes fueron genotipificadas con 8 microsatélites, cuantificándose riqueza alélica y parentesco (Test de Queller & Goodnight). El estudio reveló que la riqueza alélica a lo largo del estipe disminuye desde el disco hacia zonas apicales. Del total de discos, el 86,6% (N=26) presentó HGI. De estos, 16 discos (53,3% del total) evidenció quimerismo, probablemente por fusión inter-individual. Un total de 25 discos presentaron mosaicismos (83,3%), de los cuales 10 también eran quimeras, indicando procesos no excluyentes. Estos resultados sorprenden por la alta frecuencia natural de organismos genéticamente heterogéneos y quiméricos, y por las diferencias de HGI en distintas partes de un individuo, hecho que parece ser propio de las algas el que probablemente resulta de la forma de crecimiento en esta especie. Considerando que *L. spicata* tiene importancia económica, estos hallazgos sugieren que cantidades y propiedades bioquímicas de alginatos y fenoles producidos, pudiesen estar siendo afectados por el quimerismo y HGI encontrado.

FONDECYT: 1120129-11110120.

EL LEGADO GONDWÁNICO EN LA BIOGEOGRAFÍA DE SUDAMÉRICA (The Gondwanan legacy in South American biogeography)

Segovia, R.¹, Armesto, J.², ¹Instituto de Ecología y Biodiversidad. ²Ecología Pontificia Universidad Católica de Chile.

La hipótesis de conservatismo de nicho tropical (TCH) sugiere que el conservatismo de nicho filogenético (la tendencia de los rasgos a mantenerse durante la diversificación) sería el factor principal en el origen y mantención de los gradientes de diversidad. Por ejemplo, el gradiente de diversidad en angiospermas leñosas reflejaría el origen tropical de la mayoría de los clados, la evolución conservativa de la tolerancia al frío, y el hecho de que sólo algunos clados fueron capaces de persistir de zonas templadas después del enfriamiento global del Eoceno. La evidencia de esta explicación ha sido discutida preferentemente desde la perspectiva del hemisferio norte. Recientemente, Segovia *et al.* (2013) y Qian (2014) presentaron relaciones entre diversidad y antigüedad de los clados en altas latitudes de Sudamérica y altas elevaciones de los Andes inconsistentes con TCH, esto es, familias antiguas de plantas leñosas distribuidas preferentemente en altas latitudes y altas elevaciones de los Andes. Argumentamos que bajo un marco que considere la biogeografía histórica del hemisferio sur y la Cordillera de Los Andes será posible explicar estos patrones discordantes. Proveemos una discusión inicial de esta perspectiva enfatizando el desarrollo histórico de una singular y rica flora de ancestros Gondwánicos distribuida en latitudes medias y altas de Sudamérica y Antártica. Sugerimos que la idea de conservatismo de nicho austral de una biota templada debería ser considerada para comprender los patrones biogeográficos en el hemisferio sur.

FONDECYT 3140189 y CONICYT-PFB 23; ICM P05-002

UNA NUEVA APROXIMACIÓN PROBABILÍSTICA PARA INFERIR ÁREAS DE ENDEMISMO BASADO EN MODELOS EXPLÍCITOS: ANÁLISIS BAYESIANO DE ENDEMISMO - BAE (A New Approach To Probability Inferring Endemism Areas Based On Explicit Models: Bayesian Analysis Of Endemism - Bae)

Rivera, R.¹, Hernández, C. E.¹, ¹Departamento de Zoología, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. (Sponsored by FONDECYT 1140692)

El endemismo es un importante rasgo de la distribución geográfica de las especies, siendo el primer paso en cualquier estudio biogeográfico la delimitación de áreas de endemismo. En las últimas décadas varias aproximaciones han sido utilizadas para identificar y delimitar estas áreas, siendo el análisis de parsimonia de endemismo (PAE) el enfoque más utilizado. Esta aproximación evalúa áreas de distribución sin un modelo explícito que permita evaluar dicho patrón. En este trabajo se propone una nueva aproximación basada en modelos explícitos denominada "análisis bayesiano de endemismo" (BAE por su sigla en inglés), para identificar áreas de endemismo en base a probabilidades. Se compararon 12 modelos por medio de Factor de Bayes, en un escenario espacial explícito. Se utilizó como taxa modelo de estudio los mamíferos carnívoros de Sudamérica con grillas de 4°, contrastando los resultados de BAE con PAE. Nuestros resultados indican que el modelo con mejor ajuste correspondió al modelo con tasa de cambio reversible con frecuencias empíricas ($BF > 44.9$). Los resultados muestran que BAE identifica mayor número de áreas de endemismo ($PP > 0.80$) que PAE, y que el análisis de PAE no siempre asume un modelo correcto dado los datos. Nuestra aproximación constituiría una manera general de evaluar patrones espaciales de endemismo a través de modelos que involucren distintas hipótesis biogeográficas, permitiendo seleccionar aquellas con un mejor ajuste a los datos.

Palabras clave: endemismo, parsimonia de endemismo, análisis bayesiano, carnívora.

FONDECYT 1140692

DESARROLLO DE COHORTES Y PARÁMETROS POBLACIONALES DE LA ARAÑA DEL RINCÓN *LOXOSCELES LAETA* (Cohort development and population parameters of the Chilean recluse spider *Loxosceles laeta*)

Canals, M.¹, Solís, R.², ¹Programa de Salud Ambiental, Medicina, Universidad de Chile. ²Ciencias Biológicas Animales, Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

A pesar del abundante conocimiento eco-epidemiológico de la araña del rincón, *Loxosceles laeta*, causante del todo el loxoscelismo en Chile, sigue siendo una especie poco conocida en el ambiente médico, especialmente las características y tiempos de sus estados de desarrollo. En este estudio abordamos estos aspectos con el objetivo de aportar imágenes claras del desarrollo de esta especie y por primera vez de sus características y proyecciones poblacionales y de la relación entre estados maduros e inmaduros, datos útiles para el control y prevención de los accidentes por mordedura. Encontramos que es una especie r-estratega, con un $R_0 = 2,1$, un tiempo generacional $G = 2,1$ años y con concentración del valor reproductivo de las hembras entre el primer y segundo año de vida. Determinamos los tamaños promedio y los tiempos de desarrollo de todos los estados. Los primeros varían entre los 2,3 mm al nacer y alrededor de 13 mm al estado adulto. Los tiempos totales de desarrollo son de aproximadamente 1 año. La proyección de la población con matriz de Leslie sugiere una gran capacidad de crecimiento y dispersión, pero con claras fluctuaciones poblacionales estacionales asociadas a la reproducción. Además se muestra que la proporción de estados inmaduros fluctúa estacionalmente entre el 80 y 90%, lo que implica que una casa con tres o cuatro arañas adultas visibles, en realidad tiene una población entre 20 y 40 arañas en total.

Fondecyt 1110058

GENÉTICA

COMBINING THE ASSOCIATION AND ANCESTRY SIGNALS FOR A MORE POWER TEST

Eyheramendy, S.¹, ¹Departamento de Estadística, Facultad de Matemáticas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Performing genome-wide association on admixed populations offers many advantages. Recently admixed populations are likely to have a larger number of genetic variants with functional effects. The reason is that many simple and complex diseases have prevalences that vary substantially between ancestral populations due to genetic and/or environmental factors, because many genetic variants have been selected over the past several thousand years and that many of these are particular to continental groups. Causal risk alleles can be searched by performing the usual comparison in allele frequency between cases and controls (correcting for population structure), by performing an analysis of cases-only (admixture mapping), or by using cases-and-controls to search for unusual deviation in local ancestry. SNP and admixture association signals contain different information that can complement each other. In our study we propose a multivariate model that considers the two signals simultaneously.

Fondecyt

EFFECTOS DE LA FITOHORMONA CITOQUININA SOBRE LA EXPRESIÓN GÉNICA DURANTE EL DESARROLLO DE FRUTOS DE DURAZNO (*PRUNUS PERSICA*) (The Effects of the Phytohormone Cytokinin on Gene Expression during Peach (*Prunus persica*) Fruit Development)

Mujica, K.¹, Huera, C.¹, Barindelli, E.¹, **Meisel, L.¹,** ¹INTA Universidad de Chile.

La hormona vegetal citoquinina juega un rol fundamental en el crecimiento y desarrollo de la planta. Si bien, la vía de señalización de esta hormona ha sido previamente descrita en *Arabidopsis*, poco se sabe de ella en otras especies de importancia económica, como el durazno (*Prunus persica*). Altos niveles de citoquinina han sido observados en estadios tempranos del desarrollo del fruto, los cuales descenden en estadios posteriores. Para estudiar los efectos de citoquinina sobre la expresión génica en frutos de durazno durante su desarrollo, hemos realizado un análisis de RNA-Seq en frutos tratados con t-zeatina durante los estadios de pre-lignificación, lignificación y post-lignificación del carozo de este fruto. Además, estudiamos la expresión de las familias génicas asociadas a la homeostasis y vías de señalización de citoquinina en durazno bajo este tratamiento. Los análisis revelan una expresión diferencial de los genes de homeostasis y vías de señalización de citoquinina en estadios específicos de desarrollo. Los resultados sugieren que la vía de respuesta a citoquinina es conservada en durazno y que esta respuesta es diferencialmente expresada durante el desarrollo del fruto. Proyecto financiado por CONICYT Fondecyt /Regular N°1121021

Proyecto financiado por CONICYT Fondecyt /Regular N°1121021.

IDENTIFICATION OF GENES RELATED TO SUGAR AND ORGANIC ACID CONTENT IN TABLE GRAPE (*Vitis vinifera* L.)

Mamani, Maribel¹, Sanhueza, Diego¹, Callejas, José Luis¹, Ravest, Gonzalo¹, Correa, José¹, González-Agüero, Mauricio¹, Hinrichsen, Patricio¹, ¹Biotechnología Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA La Platina. (Sponsored by Financed By FONDECYT 1120888.)

In grapevine, sugars (mainly glucose and fructose) and organic acids (protagonically tartaric and malic acid) help to define the berry quality, and so, the aim of this work was to identify genetic factors associated with these key traits in table grapes. Genes related to these traits considered in this study came from reported literature on grapevine and other species as well as from QTLs identified on a 'Ruby Seedless' x 'Sultana' (RxS; n=140) crossing. Significant QTLs were detected on chromosome 5, explaining 16.5% and 19% of the variance for sugar content and titratable acidity, respectively. In order to evaluate the expression level of specific genes, four siblings from the RxS crossing, with contrasting phenotypes for sugar content and acidity, were evaluated by real-time PCR. Samples were collected in four different phenological stages (fruit-setting to ripening). Expression levels for genes *Gldh*, *Epi*, *Pepc*, and *L-Idndh* showed higher expression levels before veraison and steadily lower levels after this stage. Contrastingly, *Sps1* showed higher levels after veraison. Another set of genes (*Tk2* and *Pepck*) exhibited a good association with acid content. The possible role of each of these genes in relation with the corresponding phenotypes will be discussed, besides being potentially useful as selection markers in breeding programs.

EARLY EXPRESSION AND LOCALIZATION OF SHBGB mRNAs BY IN SITU HYBRIDIZATION DURING SEXUAL DIFFERENTIATION IN ONCORHYNCHUS MYKISS: A NEW FACTOR INVOLVED IN THE PROCESS OF OVARIAN DIFFERENTIATION IN SALMONIDS

Perez, C. ¹, Araneda, C.², Diaz, N.², Estay, F. ³, DiLandro, S.⁴, Lasalle, A.⁴, Vizziano, D.⁴, ¹Programa de Doctorado en Acuicultura, Escuela de Postgrado, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile. ²Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile. ³<http://www.pisciculturahuililco.cl> Piscicultura Huililco, Pucón, Región de la Araucanía Chile. ⁴Laboratorio de Fisiología Reproductiva y Ecología de Peces, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay. (Sponsored by Cristian Araneda)

In trout has been identified two genes for the sex hormone binding globulins proteins called shbga and shbgb. The main function for the shbgs is the transport steroid hormones, such as 17b-estradiol and testosterone. In adult fish the *shbga* mRNAs are expressed in liver and *shbgb* transcripts mainly in adult ovaries. A co-expression of the mRNAs *shbgb* and *cyp19a1a* (ovarian aromatase) have been previously described in granulosa cells during the vitellogenesis. This suggested the existence of a physiological coordination between estrogen synthesis and shbgb proteins. Since estrogens are essential factors involved in the sexual differentiation of rainbow trout, we proposing that the shbgb protein could participate in early ovarian differentiation in rainbow trout. We studied the molecular sexual differentiation period (30-75 dpf) using genetic monosex population of females. The period was validated by the study of the expression of markers of ovarian differentiation as *cyp19a1a*, *foxl2a*, *folistatin*, *era* and *erb* mRNAs. In this study we demonstrate for the first time that *shbgb* mRNAs are expressed early in trout embryos at 21 dpf of development. We have also observed expression of the *shbgb* transcripts in trunks of rainbow trout during the period of sexual differentiation (32-75 dpf). The qPCR expression pattern is very similar between mRNAs *shbgb* and *cyp19a1a*. In order to confirm the expression of *shbgb* in ovaries and to identify the cell types in which *shbgb* mRNAs are localized, we developed studies of

in situ hybridization. We confirmed that *shbgb* are localized specifically in developing ovaries between 44-75 dpf. The *in situ* hybridization signal also has a similar pattern regarding qPCR data. We inferred in this work a high degree of coordination of physiological steroids and propose to shbgb as a new factor that contributes to the sexual differentiation in salmonids

Financiamiento: #Beca Doctorado CONICYT 1215609 (Chile), CSIC I+D C-829-102 (Uruguay)

TAMAÑO DE LA DELECIÓN EN LA REGIÓN CROMOSÓMICA 22Q11YSU ASOCIACIÓN CON MANIFESTACIONES CLÍNICAS

Repetto, G.¹, Benavides, F.¹, Guo, T.², Vial, C.², Espinoza, K.², ¹Centro de Genética y Genómica, Medicina, Clínica Alemana-Universidad Del Desarrollo. ²Dept of Genetics, Medicine, Albert Einstein College of Medicine at Yeshiva University.

El síndrome de microdelección del cromosoma 22q11 (22q11DS) es una de las alteraciones genómicas más comunes en humanos. La delección se debe a recombinación no-homóloga entre regiones repetidas (Low Copy Repeats o LCR), y se han descrito 3 tamaños mas comunes de esta alteración: 3Mb (flanqueada por LCR A-D), 2Mb (LCR A-C) y 1,5 Mb (LCR A-B). La asociación entre el tamaño de la delección con el fenotipo clínico no está clara, en parte debido al número limitado de pacientes con delecciones pequeñas. Evaluamos el tamaño y la ubicación de la delección de 218 pacientes chilenos con 22q11DS mediante SNP array y MLPA y su asociación la presencia de cardiopatía congénita (CC) y anomalías palatinas (AP). Doscientos un pacientes (92.2%) tenían la delección A-D, 5 (2.2%) A-C y 12 (5.5%), A-B. La frecuencia de CC fue significativamente mayor en los individuos con delección A-D que en los A-B (58,9% vs 25%; p 0,045; OR 4,308, IC 95%: 1,025-20,787). Esta diferencia no se observó para la presencia de AP. Esta gran cohorte de pacientes chilenos confirma que la delección de 3Mb es el más común de este síndrome y que esta se asocia con mayor frecuencia presencia de CC al compararla con las delecciones de 1,5 Mb, sugiriendo la existencia de modificadores en la región de no-sobreposición en 22q11, entre LCR B y D.

Fondecyt #1130392

COMPARACIÓN ESTRUCTURAL DE LOS CAMBIOS CONFORMACIONALES PRODUCIDOS POR MUTACIONES EN LA PROTEÍNA PTPN11 EN PACIENTES CON LENTIGINOSIS MÚLTIPLE (Structural comparison of the conformational changes produced by mutations in the PTPN11 protein in patients with multiple lentiginosis)

León, L.¹, Romeo, E.², Lagos, M.², Aracena, M.^{3,4}, ¹Centro de Genética y Genómica, Facultad de Medicina, Universidad del Desarrollo. ²Departamento de Laboratorios Clínicos Pontificia Universidad Católica de Chile. ³Unidad de Genética Hospital Dr. Luis Calvo Mackena. ⁴División de Pediatría Pontificia Universidad Católica de Chile.

El Síndrome Noonan lentiginosis múltiple (SN-LM) es un trastorno infrecuente, autosómico dominante caracterizado por lentiginosis, anomalías en el electrocardiograma, hipertelorismo ocular, estenosis pulmonar valvular, anomalías de los genitales, retraso del crecimiento y sordera. Al igual que el síndrome de Noonan, la LM es causada por mutaciones de aminoácidos de la línea germinal en el gen *PTPN11*, que codifica para una proteína tirosina fosfatasa. En este estudio, se evaluó el efecto de las variantes c.1529A>C y c.1528C>G, que producen los cambios aminoacídicos Gln510Pro y Gln510Glu respectivamente, en la proteína PTPN11. Estas variantes fueron analizadas *in silico* usando ocho algoritmos diferentes:

SNPeffect, PolyPhen-2, PhD-SNP, PMUT, SIFT, SNAP, SNPs & GO y nsSNPAnalyzer. Los resultados mostraron que ambas sustituciones del aminoácido 510 parecen afectar la proteína. Se crearon modelos estructurales para las variantes analizadas a través de modelamiento comparativo, el cual fue realizado mediante el servidor MHonline (que incluye MODELLER y PROCHECK) y también un modelamiento *ab initio*, utilizando el servidor de I-TASSER. Los modelos predichos fueron analizados utilizando TM-align, el cual indica que los modelos se construyeron con gran precisión. Los valores de RMSD de los modelos mutantes indican probable patogenicidad para las mutaciones evaluadas. En este contexto el aminoácido 510 se encuentra localizado en el dominio tirosina fosfatasa, por lo tanto, los cambios conformacionales locales inducidos por las mutaciones evaluadas, sugieren que una falla en la actividad catalítica de este dominio podría estar envuelta en la patogénesis de LM.

EXPRESIÓN RENAL Y POLIMORFISMO DE GENES CANDIDATOS PARA LA OSMORREGULACIÓN EN INDIVIDUOS DE POBLACIONES NATURALES DE *Abrothrix hirta* (RODENTIA, SIGMODONTINAE) (Renal Expression And Polymorphism Of Candidate Osmoregulatory Genes In Individuals From Natural Populations Of *Abrothrix hirta* (Rodentia, Sigmodontinae))

Valdez, U.¹, Giorello, F.², Feijoo, M.², Opazo, J.C.², Lessa, E. P.³, Naya, D. E.³, D'Elia, G.¹, ¹Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. ²Departamento de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de la República. ³Instituto de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de la República.

Los ambientes áridos representan desafíos para la homeostasis osmótica de los pequeños mamíferos. El conocimiento sobre las bases genéticas de la respuesta homeostática renal es aún limitado, existiendo muy pocos análisis de poblaciones naturales. En este trabajo estudiamos la expresión renal de genes en *Abrothrix hirta*, roedor sigmodontino que habita ambientes mésicos y xéricos en América del Sur austral. Con el objetivo de identificar respuestas diferenciales a la heterogeneidad ambiental, secuenciamos y analizamos el transcriptoma renal de 14 individuos de Bosques Australes de Chile y 11 de la Estepa Patagónica argentina. Como resultado de la anotación génica y funcional de los transcriptomas,

identificamos los genes relacionados con la osmorregulación y detectamos aquellos en expresión diferencial entre individuos de bosque y de estepa –genes candidatos *a posteriori*–. De manera complementaria, con el fin de evaluar si la respuesta involucra la expresión de variantes alélicas alternativas para cada ambiente, se analizó la existencia de alelos privados en bosque o estepa en aquellos genes identificados en la literatura como relacionados a la osmorregulación –candidatos *a priori*– pero que no mostraron expresión diferencial entre individuos de distintos ambientes. Integrando estos resultados discutimos en un contexto ecológico evolutivo, cómo enfrentan a nivel genético los individuos de una misma especie condiciones ambientales contrastantes.

Fondecyt 1110737, 1141055

EL NÚMERO DE MODELOS SANO-ENFERMO QUE UN SISTEMA GENÉTICO MENDELIANO GENERA (The number of healthy-ill models a Mendelian genetic systems yields)

Valenzuela, CY.¹, ¹Programa de Genética Humana, Medicina, Universidad de Chile.

¿Cuántas formas genéticas distintas hay de producir un ser humano? La respuesta considera modelos genéticos Mendelianos simples que producen caracteres dicotómicos como sano-enfermo. Con un locus y dos alelos tenemos tres genotipos A1/A1; A1/A2; A2/A2. Estas tres formas pueden dar 6 modelos distintos: solo A1/A1 es sano el resto enfermo; sólo A1/A2 sano; sólo A2/A2 sano; sanos A1/A1 y A1/A2; sanos A1/A1 y A2/A2; sanos A1/A2; A2/A2. El número de modelos corresponde a $(2^n - 2)$, siendo n el número de genotipos en cada locus, equivale al número de subconjuntos de un conjunto con n elementos menos 2 (vacío y universo). Tres loci con dos alelos cada uno dan más de 134.000.000 de modelos sano-enfermo distintos. La pretensión de diferenciarlos por los análisis genéticos clásicos o los actuales moleculares es sin esperanza. Con 5 loci involucrados en la configuración de un ser (sano) o un no-ser (enfermo) hay más de 10^{73} formas de ser humano y determinar cual modelo pertenece a cada ser humano es imposible. Tenemos que resignarnos a constatar que es un ser humano sin saber por qué modelo y contentarnos cuando aparece un fenotipo que claramente no es un ser humano (mola hidatidiforme)

FISIOLOGÍA - DESARROLLO - NEUROFISIOLOGÍA

LA BROMACIÓN AROMÁTICA INCREMENTA LA POTENCIACIÓN DE LARGO PLAZO EN CORTEZA PREFRONTAL PERO DEPRIME LOS PATRONES DE CONDUCTAS PSICOMOTORAS INDUCIDOS POR EL ENTACTÓGENO "ÉXTASIS" EN RATAS. (Aromatic bromination increases long-term potentiation in pre-frontal cortex but depresses the psychomotor behavioral patterns induced by the entactogen "Ecstasy" in rats)

Sáez-Briones, P¹., Hernández, A²., Castro-Castillo, V³., Burgos-Villaseca, J⁴., ¹Laboratorio de Neurofarmacología y Comportamiento, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad de Santiago de Chile. ²Laboratorio de Neurobiología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. ³Departamento de Química, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Metropolitana de Ciencias de La Educación. ⁴Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Metropolitana de Ciencias de La Educación.

La administración aguda del entactógeno "Éxtasis" (3,4-metilendioximetanfetamina, MDMA) en ratas aumenta la locomoción, la asociación y las conductas pro-sociales. Con el objetivo de incrementar los efectos inducidos por esta droga, se evaluó conductual y electrofisiológicamente en ratas los efectos del análogo 2Br-4,5-MDMA utilizando una batería de tests psicomotores y un protocolo de potenciación de largo plazo (LTP) evocada *in vivo* en corteza prefrontal. 2Br-4,5-MDMA no genera los patrones conductuales característicos de MDMA pero incrementa significativamente la LTP prefrontal. Estos resultados indican una disociación entre los efectos psicomotores y pro-sociales respecto de la ocurrencia de neuroplasticidad en la corteza prefrontal. Lo anterior apoya la idea de que la halogenación aromática modula los efectos conductuales de MDMA de manera diferente a lo descrito para otros psicotrópicos estructuralmente relacionados.

Proyecto DICYT-USACH 021401SB

APRENDIZAJE Y MEMORIA EN RATAS CON EPILEPSIA DEL LÓBULO TEMPORAL. (Learning and memory in rats with temporal lobe epilepsy.)

Leiva, J¹., Infante, C²., ¹Programa de Fisiopatología, Medicina, Universidad de Chile. ²Programa de Fisiopatología., Medicina, Universidad de Chile.

La epilepsia del lóbulo temporal (ELT) es el tipo de epilepsia más común en el adulto humano, cuyo origen está en el sistema límbico. Se inicia con convulsiones y pérdida de conciencia; y luego de un período libre de ataques, se estabiliza con la presencia de crisis breves y recurrentes. El modelo epilepsia por pilocarpina en la rata, reproduce la (ELT) en humanos. El objetivo de este trabajo es determinar el efecto de la epilepsia sobre el aprendizaje y memoria en este modelo de epilepsia animal. Empleamos el test del laberinto de Morris (LM) y el de recogida del alimento (RA). Ratas Wistar adultas macho (n=20) control no epilépticas (CNE) (n=10), inyectadas con suero fisiológico i.p. y evaluadas 20 días después en el laberinto de Morris presentaron curvas de aprendizaje estándar. Por su parte, ratas con pilocarpina (n=10), 280 mg/Kg i.p., las cuales desarrollaron epilepsia crónica, solo el 70% mostró capacidad de un aprendizaje similar a las controles, mientras que el 30% restante fracasó en el intento. Un tercer grupo de ratas CNE (n=10) y otro grupo tratado con pilocarpina (n=10), fueron adiestradas en la prueba de RA. Ambos grupos presentaron curvas de aprendizaje estándares similares. Estos resultados en su conjunto están indicando que la epilepsia afecta solo el aprendizaje espacial, el cual se asocia a deterioro hipocámpico.

ENCARRILAMIENTO POR ALIMENTACIÓN DEL CICLO SUEÑO-VIGILIA: SUPRESIÓN SELECTIVA DEL SUEÑO DE ONDAS LENTAS EN INTERVALO DE ANTICIPACIÓN A LA ALIMENTACIÓN. (Food entrainment of the sleep-wake cycle: selective suppression of slow wave sleep in food anticipatory interval)

Castro, J.¹., Díaz, J.¹., Ocampo-Garcés, A.¹., ¹Fisiología y Biofísica, ICBM, de Medicina, Universidad de Chile.

El sueño de ondas lentas (SOL) es considerado como la etapa restauradora del sueño No-REM, e interactúa débilmente con el sistema circadiano en condiciones de encarrilamiento fótico. Se caracteriza por la alta densidad de ondas delta (0.5-4 Hz) en el EEG del sueño NREM, cuya magnitud depende directamente de la vigilia acumulada y decae exponencialmente durante el sueño, por lo que se le considera un reportero confiable del proceso homeostático (o de reloj de arena) del sueño No-MOR (Proceso S). Interesa evaluar la interacción del SOL con el encarrilamiento por alimentación. Dieciocho ratas macho sometidas a un ciclo luz-oscuridad=12:12 fueron registradas polisomnográficamente bajo condiciones iniciales de alimentación *ad-libitum* y después de al menos 10 días de encarrilamiento alimentario consistente en instalación de un ciclo alimentación: ayuno=4:20. Se realizó etapificación manual de los estados de acuerdo a criterios convencionales, y se cuantificó el poder espectral del EEG en el intervalo de 0.3 a 20Hz mediante análisis de Fourier. Bajo encarrilamiento alimentario el SOL exhibe una escasa modulación en las 24 horas comparada a la condición inicial. En el intervalo de 3 horas que anteceden a la presentación de la comida ocurre una supresión específica del SOL pese al aumento significativo de la vigilia acumulada. La progresión de las ondas delta al interior del episodio de sueño No-REM confirma la supresión selectiva del SOL e el intervalo que anticipa a la presentación de alimento. Bajo encarrilamiento alimentario se observa una fuerte interacción del SOL y el sistema circadiano.

Fondecyt 1100245, Fundación Guillermo Puelma

CONTRIBUCION DEL CUERPO CAROTIDEO A LA HIPERTENSION INDUCIDA POR LA HIPOXIA INTERMITENTE CRONICA (Contribution of the carotid body to the hypertension induced by chronic intermittent hypoxia)

Iturriaga, R.¹., Andrade, D.¹., Moya, E.²., Del Rio, R.³., ¹Facultad de Fisiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Fisiología Pontificia Universidad Católica de Chile. ³Centro de Investigación Biomédica, Universidad Autónoma de Chile.

La hipoxia intermitente crónica (CIH), que es la característica principal de la apnea obstructiva del sueño, potencia las respuestas quimiosensoriales del cuerpo carotideo a la hipoxia, y produce hipertensión. La potenciación carotidea se atribuye al estrés oxidativo, ya que el tratamiento con antioxidantes previenen la potenciación quimiosensorial y la hipertensión causada por CIH. Proponemos que el cuerpo carotideo juega un papel crucial en la progresión de la hipertensión. Estudiamos los efectos de Ebselen, un antioxidante que reduce la potenciación quimiosensorial y el estrés oxidativo en el cuerpo carotideo, sobre la presión arterial elevada por CIH. Medimos la presión arterial mediante telemetría en ratas machos Sprague-Dawley expuestas a CIH (5% O₂, 12 veces/h, 8 h/día). Después de 2 semanas en CIH y cuando las ratas desarrollaron hipertensión, se administró Ebselen (10 mg/kg día) por una semana más. Ebselen eliminó el alza de la presión arterial inducida por CIH. Para estudiar el origen del aumento de la presión arterial, destruimos selectivamente los cuerpos carotideos de ratas hipertensas expuestas a CIH por 21 días. La eficacia de esta maniobra fue confirmada por la desaparición de la respuesta ventilatoria a la hipoxia. La eliminación de los cuerpos carotideos redujo el alza de presión arterial, sugiriendo que la hipertensión depende de la estimulación de los quimiorreceptores arteriales por la hipoxia intermitente. Nuestros resultados indican que el cuerpo carotideo juega un papel fundamental en la progresión de la hipertensión inducida por CIH.

Puente 28/2014 VRI-PUC

INVOLVEMENT OF PURINERGIC RECEPTORS IN VASCULOGENIC MIMICRY IN VITRO IN OVARIAN CANCER.

Racordon, D¹., Oliva, B.², Sáez, J.C.², Owen, G.², ¹Fisiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Departamento de Fisiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by CONICYT-FONDAP 15130011, BMRC 13CTI-21526-P6)

Introduction: Vasculogenic Mimicry (VM) defines the formation of a hollow channel network by tumor cells without participation of endothelial cells. These structures are believed to constitute an alternative perfusion pathway in the initial steps of tumor formation. While VM presence in tumor biopsies correlates to poor prognosis, there is no clear evidence defining the signaling pathways involved in this process. Accumulating evidence indicates a role of ATP in progression of cancer. Our hypothesis is that ATP receptors are involved in VM.

Materials & Methods: SKOV3 and OVCAR3 ovarian cancer cells were seeded on matrigel and monitored for VM. For calcium experiments, cells were loaded with Fura 2-AM and stimulated with ATP or ADP. Suramin was used as a non-specific purinergic receptor antagonist.

Results: Hollow channels formation was observed at day 14 in both cell lines. A transient increase in intracellular calcium concentration was detected in SKOV3 cells treated with ATP and ADP. Suramin completely blocked VM in vitro in SKOV3 cells. **Discussion:** Our results suggest the involvement of purinergic receptors in VM *in vitro* in ovarian cancer. It is unclear if the effects observed are mediated directly by ATP/ADP or by their breakdown products. Further studies are needed to identify the receptors involved in VM in ovarian cancer.

LOS TÓXICOS AMBIENTALES ENDOTALL Y NONILFENOL INDUCEN REACCIÓN ACROSÓMICA VÍA PROTEÍNA QUINASA A (PKA) EN ESPERMATOZOIDES DE RATÓN (The environmental toxics Endothall and nonylphenol lead to mouse sperm acrosome reaction through a protein Kinase A (PKA) pathway)

Gallardo, LM¹., Moreno, RD¹, ¹Ciencias Fisiológicas, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by FONDECYT 1110778)

La reacción acrosómica (RA) es un evento excitotóxico que permite al espermatozoide fecundar al ovocito. La RA es regulada por hormonas y por mecanismos de fosforilación/desfosforilación catalizados por proteínas quinasas y fosfatasa, entre ellas PKA y PP2A, respectivamente. Por eso, la RA podría ser afectada por nonilfenol, un xenoestrógeno, y por Endothall, un pesticida que inhibe a la fosfatasa PP2A. Nuestro objetivo fue investigar si nonilfenol y Endothall inducen la RA regulando PKA. Para ello, se incubaron espermatozoides maduros de ratón con nonilfenol, Endothall y/o progesterona. El rol de PKA se determinó estudiando su forma fosforilada (pT197) y con el inhibidor H89. La presencia de PP2A se determinó con inmunoblot e inmunofluorescencia. El porcentaje de RA se cuantificó con la tinción de azul de Coomassie-G. Nuestros resultados mostraron que PP2A se ubicó en la cola y región acrosomal. Endothall incrementó un 22% la RA inducida por progesterona en concentraciones de 0,09 y 1 μ M y nonilfenol en un 19%, en concentraciones de 0,1 y 10 μ M. El efecto de Endothall y nonilfenol fue independiente del tiempo de incubación, de la presencia de progesterona y del estado de capacitación del espermatozoide. Por último, el inhibidor H89 previno el efecto inductor de ambos compuestos. En conclusión, nonilfenol y Endothall inducen *in vitro* la RA a través de un mecanismo que implica a la PKA. Posiblemente *in vivo* estos contaminantes alteren la fecundación en animales como en humanos.

LA EXPOSICIÓN A UNA MEZCLA DE DISRUPTORES ENDOCRINOS (FTALATOS Y ALQUILFENOLES) DURANTE LA LACTANCIA ALTERA EL CICLO REPRODUCTIVO EN RATÓN HEMBRA (The Exposure To A Mixture Of Low Dose Of Endocrine Disrupters (Phthalates And Alkylphenols) During Lactation Alters Reproductive Cycle In Female Mice)

Patiño-García, DF¹., Moreno, RD¹, ¹Ciencias Fisiológicas, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by FONDECYT 1110778)

Los humanos están diariamente expuestos a bajas dosis de un gran número de xenobióticos y sus metabolitos, presentes como contaminantes ambientales con capacidad de alterar la función del sistema endocrino, conocidos como disruptores endocrinos (DEs). Varios de estos compuestos son usados a diario como materia prima en la fabricación de productos de cuidado personal, entre ellos ftalatos y alquilfenoles. Algunos de estos compuestos han sido medidos en muestras humanas de leche materna y líquido folicular. El objetivo de este trabajo fue determinar si en ratón hembra, la exposición a una mezcla de 5 DEs administrados en bajas dosis durante la lactancia altera el ciclo reproductivo en la adultez. Hembras de ratón fueron tratadas durante la lactancia con una mezcla de 5 DEs: Los ftalatos Di(2-etilhexil) Ftalato, Dibutil Ftalato y Butil Bencil Ftalato; y los alquilfenoles 4-Nonylphenol y 4-terc-Octilfenol. Estos compuestos se diluyeron en aceite de canola y etanol y se administraron vía oral a la madre desde el sexto día post-parto hasta el destete. Para cada uno de los tóxicos, se utilizó un 10% de las dosis recomendadas LOAEL (Low adverse effect level). Los hallazgos encontrados fueron: Retraso en el día de la apertura vaginal y primer estro (signos de pubertad), alteraciones del ciclo estral, y alteración en la histología del ovario. Nuestros resultados sugieren que bajas dosis de estos DEs administrados en conjunto durante la lactancia inducen alteraciones en el ciclo reproductivo de ratón hembra.

OXIDATIVE STRESS SUBTLE BALANCE, KEAP1-NRF2 ACTIVATION AND HSP90 OVEREXPRESSION: BETWEEN DEFENSES & ADAPTATION

Buc, P¹., ¹Louvain Drug Research Institute Universidad catolica de Lovaina.

Interestingly, cancer cells are characterized by an increased production of reactive oxygen species (ROS) and rather low levels of antioxidant enzymes. These characteristics represent an advantage in terms of proliferation, but at the same time, they render cancer cells particularly sensitive to an oxidant insult. Modifying the intracellular redox status of cancer cells by targeting the antioxidant enzymes could be an interesting approach.

It has been proposed that the Keap1-Nrf2 signaling pathway is hijacking by cancer cells which enhance their resistance against therapeutic drugs by activation of proteins having detoxification and antioxidant abilities. In this context of acquired resistance, an additional mechanism to ensure the survival of cancer cells is the overexpression of the protein chaperone Hsp90.

Briefly, cancer cell redox homeostasis represents a specific vulnerability that can be selectively targeted by redox modulators. The identification of putative Nrf2 targets in cancer cells is therefore a good opportunity to design new compounds that could improve the efficacy of chemotherapy. Redox cycling generates and oxidative stress (H_2O_2), leads to Hsp90 cleavage that appears to be selective of cancer cells, suggesting potential clinical applications.

Paneles I

ECOLOGIA

1. CONTRIBUCIÓN DE RESTOS LIGNO-CELULÓSICOS AL CAPITAL Y FLUJOS DE C Y N DURANTE SU DESCOMPOSICIÓN EN BOSQUES SIEMPREVERDES DEL CENTRO-SUR DE CHILE (Ligno-cellulosic debris contribution to capital and flows of C and N during decomposition in evergreen forest of central-southern Chile)

Belezaca, C.^{1,2}, Godoy, R.¹, Valenzuela, E.³, ¹Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. ²Laboratorio de Microbiología Ambiental y Vegetal, Facultad de Ciencias Ambientales, Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Ecuador. ³Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Bosques templados en áreas remotas del sur de Chile, son considerados sitios control para estudios de biogeoquímica a nivel global, libres de contaminación atmosférica, con eficiente reciclaje de nutrientes. La producción primaria es importante en la recirculación de nutrientes y reservas de carbono (C), en los componentes aéreo, superficial y subterráneo. Se planteó conocer cuali-cuantitativamente la biomasa ligno-celulósica muerta (necromasa) en un bosque siempreverde y su contribución al ciclaje de C y nitrógeno (N). En 10 parcelas de 900 m² se determinó la necromasa >10 cm de diámetro, clasificó en cinco categorías de degradación (1 = menor y 5 = mayor degradación), y estudió contenidos de celulosa, lignina, y flujos de C y N totales. Se encontró 321,5 Mg ha⁻¹ de necromasa, representando 632 m³ ha⁻¹ de volumen, con predominancia de *Nothofagus betuloides* (95,2%) en descomposición avanzada, almacenando 115 Mg C ha⁻¹ y 211 Kg N ha⁻¹. La concentración de celulosa disminuyó 91%, mientras la lignina aumentó 248% y 142% con la degradación de madera en *N. betuloides* y *Saxegothea conspicua*, respectivamente. El C_i se redujo con la degradación, alcanzando pérdidas acumuladas entre el primer y último estado de descomposición, de 28,89 Mg C ha⁻¹ y 0,34 Mg C ha⁻¹, mientras el N_i aumentó con la degradación, incrementándose a 36,36 Kg N ha⁻¹ y 2,31 Kg N ha⁻¹ en las dos especies forestales, respectivamente. Estos flujos resaltan la importancia de restos ligno-celulósicos para el ciclaje de nutrientes en bosques siempreverdes del centro-sur de Chile.

Proyectos DID-UACH D-2013-05, y FONDECYT N° 1141060. Se agradece a CONAF – Parque Nacional Puyehue, SENESCYT y Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Ecuador.

2. ANÁLISIS DE VARIACIÓN DE LA INTEGRACIÓN FLORAL DURANTE EL DESARROLLO EN *SCHIZANTHUS* (SOLANACEA); UN GÉNERO CON ALTA LABILIDAD EVOLUTIVA DE RASGOS FLORALES. (Analysis of floral integration during development in *Schizanthus* (Solanaceae); a genus with high lability of floral traits.)

Chinga, J.¹, Pérez, F.¹, ¹Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

El género *Schizanthus* (Solanaceae) está compuesto por herbáceas anuales que presentan diversos síndromes de polinización, entre ellos el de abeja y polilla, los cuales contrastan en la estructura de la quilla y/o las alas las cuales sirven de plataforma de aterrizaje en el síndrome de abeja y se encuentra reducida en el otro síndromes. Este escenario de labilidad evolutiva puede deberse a bajos compromisos durante el desarrollo en lo que respecta a la integración floral. *Schizanthus porrigens* y *Schizanthus pinnatus* son especies polinizadas por abeja, en donde las alas son ocupadas como plataforma de aterrizaje y la quilla retiene los estámenes (catapulta de polen). Esto contrasta con otra especie del género: *S. integrifolius*, la cual es polinizada por polilla y tiene alas y quillas reducidas. La fuerte integración de rasgos florales es la opción por default dentro del

género y la pérdida posterior de dicha integración en *S. integrifolius* se debe a selección por polinizador en contra de la co-variación. Para ver estudiar los posibles compromisos del desarrollo, se hicieron estudios de microscopía en distintos estadios en ambas especies midiendo particularmente la quilla y las alas en relación con el resto de la corola con el fin de entender desde que estadio está presente esta integración. *S. porrigens* y *S. pinnatus* tienen una mayor integración de rasgos florales mantenida durante el desarrollo, encontrándose que desde temprano en la ontogenia los pétalos inferiores son proporcionales al resto de la corola, contrario a *S. integrifolia*, en donde esta integración desaparecería durante la ontogenia mostrando la consecuente reducción de las alas y la quilla desde temprano en el desarrollo.

Fondecyt 1141047

3. EFECTOS DE LAS PRÁCTICAS FORESTALES EN UN BOSQUE DE *NOTHOFAGUS PUMILIO* SOBRE LA DIVERSIDAD DE PLANTAS VASCULARES DEL SOTOBOSQUE

Burger, N.¹, Saldaña, A.¹, ¹Departamento de Botánica, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

La diversidad es característica fundamental para mantener la estabilidad de los ecosistemas, viéndose alterada por la explotación de recursos naturales. Estudiamos el efecto de las prácticas de explotación forestal sobre la diversidad de plantas vasculares del sotobosque, en un bosque manejado de *Nothofagus pumilio*. Nos preguntamos si: i) disminuye la riqueza (S) y diversidad (H') de especies del sotobosque con las prácticas de explotación (floreo y corta de protección); y ii) si la abundancia de las especies dominantes en el rodal sin intervención (control) disminuye tras las prácticas forestales. Determinamos la composición y abundancia de las especies en dos tipos de rodal que difieren en el tipo y tiempo de explotación (floreo-1990 y corta de protección-2012), y además en un rodal sin intervención, en predios pertenecientes a Monte Alto Forestal, Región de Magallanes y la Antártica Chilena. Encontramos que las prácticas forestales han tenido un efecto negativo sobre la riqueza y diversidad de especies del sotobosque, y además que dicho efecto difiere entre los tipos de práctica, siendo la S y H' mucho menor cuando la explotación es del tipo floreo. Esto último indica que a pesar del tiempo transcurrido, la diversidad y riqueza de especies no se ha recuperado, contrastando con la ausencia de diferencias significativas para estos parámetros entre el rodal control y la corta de protección. Las especies dominantes del bosque original también sufren variaciones en su abundancia, independiente del tipo de explotación, siendo las más afectadas *Pernettya mucronata*, *Valeriana lapathifolia* y *Viola magellanica*. La corta de protección si bien es más reciente, muestra tener menor efecto negativo sobre la riqueza y diversidad de especies que la de floreo, de 1990. Fondecyt-1140455

4. EVALUACIÓN EXPERIMENTAL DE LA FACILITACIÓN ENTRE *EMBOTHRUM COCCINEUM* (NOTRO) Y *SOPHORA MICROPHYLLA* (PELU) EN SUELOS DE ORIGEN VOLCÁNICO (Facilitation assay with *Embothrium coccineum* (Notro) and *Sophora microphylla* (Pelu) using volcanic origin soils)

Cañas, C.¹, Tapia, D.¹, Bustos, A.¹, Valle, S.², Zúñiga-Feest, A.¹, ¹Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. ²Instituto de Ingeniería Agraria y Suelos Universidad Austral de Chile.

En sucesiones primarias la colonización de especies fijadoras de nitrógeno (N) podría estar limitada por baja disponibilidad de fósforo (P). Especies que exudan carboxilatos por sus raíces generan facilitación a nivel rizosférico, existiendo pocas evidencias de dicho proceso. Notro es una especie de amplia distribución, con alta capacidad de colonización y raíces proteoideas (RP). Dichas estructuras exudan carboxilatos y fosfatasas que aumentan la disponibilidad de P en la rizósfera, especialmente en suelos derivados de materiales volcánicos, abundantes en el sur de Chile. El objetivo de este trabajo fue evaluar en dos sistemas controlados (plena luz e invernadero) la posible facilitación que se establecería entre Notro (con RP que aumentan la disponibilidad de P) y Pelu (fijador de N atmosférico), en dos sustratos: con limitaciones de P (volcánico) y sin limitaciones de P (orgánico o aluvial). Semillas de ambas especies fueron germinadas y sus plántulas mantenidas por una temporada de crecimiento, regadas a capacidad de campo con agua (solas o asociadas). Aunque, el crecimiento fue mayor para ambas especies en sustratos sin limitaciones, Notro presentó mayor frecuencia de plantas con RP en asociación. La proporción de biomasa destinada a nódulos y la tasa de fotosíntesis fue mayor en plantas de Pelu creciendo asociada a Notro, en sustrato orgánico. El contenido de P disponible fue mayor, en suelo rizosférico volcánico con Notro. El aumento de la disponibilidad de P en el suelo podría favorecer la colonización de otras especies y Notro podría ser usado en sistemas combinados de restauración, en sitios recientemente afectados por erupciones volcánicas
Fondecyt 1130440

5. ¿ES LA APERTURA ECONÓMICA DE CHILE UNA AMENAZA PARA LA BIODIVERSIDAD DE LOS BOSQUES NATIVOS? (Is the open economy a threat to biodiversity of native forest?)

Menares, L.¹, Gallardo, M.B.¹, Núñez-Ávila, M.¹, Armesto, J.J.¹, ¹Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by Instituto de Ecología & Biodiversidad (IEB), Santiago, Chile.)

Durante las últimas décadas el comercio mundial ha sido dominado por el intercambio internacional de materias primas y productos manufacturados. Chile se ha destacado por su rápida apertura económica, que lo ha llevado a suscribir en menos de 20 años acuerdos económicos con más de 60 países que representan más del 85% del PIB mundial y más del 60% de la población del mundo. Las principales exportaciones chilenas corresponden a productos mineros, agrícolas y forestales. En el presente estudio, evaluamos mediante estadísticas comerciales y productivas, los principales efectos ambientales de la apertura económica de Chile. La firma de los tratados internacionales de libre comercio ha causado aumentos significativos en la producción agrícola y forestal. Durante los últimos 20 años, el volumen de las exportaciones de los principales productos forestales y agrícolas aumentaron sostenidamente, en particular las exportaciones de celulosa. El incremento de la producción agrícola y forestal está directamente asociada al aumento del uso de fertilizantes, de agua de riego y expansión de plantaciones forestales de especies exóticas en varias regiones. Esta tendencia se manifiesta en pérdidas de áreas naturales especialmente en Chile central, una de las regiones menos protegidas de Chile. Más de 160.000 hectáreas de bosque nativo se han perdido entre los años 1997 y 2011. A través de este análisis se exploran los vínculos entre la apertura económica de Chile y las amenazas a la biodiversidad, y se proponen estrategias para conservar nuestro patrimonio natural.

Instituto de Ecología & Biodiversidad (IEB), Santiago, Chile.

6. EFECTO DE LA DEFORESTACIÓN EN LA GRANIVORÍA MEDIADA POR ROEDORES SOBRE *GEVUINA AVELLANA* Y AGALLAS DE *NOTHOFAGUS DOMBEYI*

López-Colín, G.¹, Sade, S.², Valdivia, C. E.³, ¹Programa de magister en ciencias, mención producción, manejo y conservación de recursos naturales Universidad de Los Lagos. ²Departamento de Ciencias Biológicas y Biodiversidad Universidad de Los Lagos. ³Ciencias Biológicas y de Diversidad Universidad de Los Lagos.

La deforestación usualmente reduce las abundancias de roedores nativos y aumenta la de roedores alóctonos. Este cambio en las abundancias y los ensambles puede conllevar cambios en las tasas y patrones de consumo de frutos y semillas. Los frutos de *Gevuina avellana* caen al suelo del bosque al mismo tiempo que las agallas de *Nothofagus dombeyi* se desprenden de los árboles. Tanto frutos como agallas presentan características visuales similares por lo que las avellanas podrían verse favorecidas por la presencia de agallas reduciendo las probabilidades de ser atacadas por roedores granívoros. Sin embargo, dichos patrones pueden alterarse en ambientes deforestados. Evaluamos la depredación por roedores en un bosque y pradera del sur de Chile sobre frutos y agallas de avellano y coihue dispuestas en frecuencias variables. Los roedores detectados fueron *Abrothrix longipilis* y *Oligoryzomys longicaudatus* en el bosque y *O. longicaudatus* y *Rattus rattus* en la pradera. Los roedores fueron un 50% menos abundantes en la pradera. Similarmente, el consumo de avellanas fue un 50% menor en la pradera respecto del bosque. La depredación sobre las avellanas fue anti-apostática, tanto en el bosque como en la pradera, indicando que los roedores seleccionan activamente los frutos por sobre las agallas, incluso cuando se encuentran en bajas frecuencias.

7. EVALUACIÓN DEL USO ANTRÓPICO DE LA DISTRIBUCIÓN POTENCIAL DE *CHLORAEA CUNEATA* LINDL. (ORCHIDACEAE) (Anthropic use evaluation on the potential distribution of *Chloraea cuenata* Lindl. (Orchidaceae))

Romero, C.^{1,2}, Alarcon, D.^{1,2}, Cavieres, L. A.^{1,2}, ¹ECOBIOIS, Departamento de Botánica Universidad de Concepción. ²Instituto de Ecología y Biodiversidad IEB. (Sponsored by Lohengrin Alexis Cavieres González)

Chloraea cuneata es la única orquídea endémica de la Cordillera de Nahuelbuta, Chile, considerada En Peligro Crítico. Su actual distribución se limita a 8 localidades ubicadas en zonas altas de dicha cordillera (650-1200 m.s.n.m), preferentemente en vegetación nativa y sólo una de ellas representada en SNASPE. Utilizando modelamiento de nicho ecológico elaboramos un modelo predictivo empleando variables ambientales asociadas a restricciones de energía y disponibilidad hídrica. Comparamos la distribución potencial obtenida con coberturas del catastro de bosque nativo, obteniendo una superficie de 674,5 km² para la especie. El 30% de ésta se encuentra sometida a presiones antrópicas directas. Además, 6 de los 8 puntos validados para *C. cuneata* asociados a vegetación nativa se encuentran en sectores de alta exposición y riesgo, que sumados al creciente cambio de uso del suelo en esta cordillera, hacen urgente un plan específico para monitorear y conservar sus exiguas poblaciones, que incluya prospectar eventuales nuevas localidades considerando el modelo desarrollado en este trabajo.

CONAF, IEB P05-002 FICM PFB-023, CONICYT-PCHA/Doctorado Nacional/2014-21140946, Forestal Arauco y Bioforest.

8. EFECTO DEL MEDIO DE CRECIMIENTO EN LA VIVERIZACIÓN DE *BALSAMOCARPON BREVIFOLIUM*: ESPECIE ENDÉMICA Y AMENAZADA DE LAS REGIONES DE ATACAMA Y COQUIMBO (Effect of substrate on seedling growth of *Balsamocarpum brevifolium*: an endemic and threatened species of the Coquimbo and Atacama Regions)

Hernández, J. A.¹, León-Lobos, P.¹, León, M. F.¹, Sandoval, A. C.², Espejo, M. J.¹, Cortez, Y.¹, Westhoff, R.³, Silva, S. I.¹, ¹Banco Base de Semillas Instituto de Investigaciones Agropecuarias. ²Banco Base de Semillas Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Universidad de La Serena. ³Sudamérica Barrick.

Chloraea cuneata es la única orquídea endémica de la Cordillera de Nahuelbuta, Chile, considerada En Peligro Crítico. Su actual distribución se limita a 8 localidades ubicadas en zonas altas de dicha cordillera (650-1200 m.s.n.m), preferentemente en vegetación nativa y sólo una de ellas representada en SNASPE. Utilizando modelamiento de nicho ecológico elaboramos un modelo predictivo empleando variables ambientales asociadas a restricciones de energía y disponibilidad hídrica. Comparamos la distribución potencial obtenida con coberturas del catastro de bosque nativo, obteniendo una superficie de 674,5 km² para la especie. El 30% de ésta se encuentra sometida a presiones antrópicas directas. Además, 6 de los 8 puntos validados para *C. cuneata* asociados a vegetación nativa se encuentran en sectores de alta exposición y riesgo, que sumados al creciente cambio de uso del suelo en esta cordillera, hacen urgente un plan específico para monitorear y conservar sus exiguas poblaciones, que incluya prospectar eventuales nuevas localidades considerando el modelo desarrollado en este trabajo.

CONAF, IEB P05-002 FICM PFB-023, CONICYT-PCHA/Doctorado Nacional/2014-21140946, Forestal Arauco y Bioforest.

Balsamocarpum brevifolium Clos, algarrobillia, es un arbusto endémico de la zona norte de Chile, perteneciente a la familia Caesalpiniaceae. Utilizado intensivamente en el pasado como materia prima para curtiente, enfrenta hoy en día serios problemas de conservación especialmente debido a su uso como leña y carbón. Estas amenazas se suman a la escasa a nula regeneración natural observada en su hábitat, debida probablemente a las rudas condiciones ambientales. La repoblación artificial constituye una medida viable para contribuir a la restauración de sus poblaciones. El objetivo de esta investigación fue evaluar el efecto del medio de crecimiento en el desarrollo de plantas producidas en invernadero para estos fines. En febrero del 2013, 2640 semillas recolectadas en la zona de Punta colorada (29° 21'S; 71° 54'O) fueron escarificadas y sembradas en bandejas de poliestireno expandido de 88 cavidades. Se consideraron diferentes medios de crecimiento (suelo de la zona de crecimiento de la especie, tierra de hoja y mezclas de ambos en distintas proporciones). El diseño experimental correspondió a bloques completos al azar con tres repeticiones, considerando 7 tratamientos (medios de crecimiento). Se evaluó la germinación de semillas, mortalidad de las plantas y al final del periodo de viverización se seleccionaron 9 plantas desde cada uno de los tratamientos y se registró, altura ($\pm 0,1$ cm), diámetro ($\pm 0,1$ mm) y biomasa (aérea y radicular) ($\pm 0,1$ g). La germinación, mortalidad y crecimiento de las plantas fue afectada significativamente por el medio de crecimiento utilizado ($P < 0,001$), existiendo una variación de un 30% en la germinación, 35% en la mortalidad y 600% en el crecimiento en altura. El uso de sustratos adecuados en la producción de plantas puede generar significativas diferencias en la calidad de las plantas obtenidas, influyendo directamente en su probabilidad de sobrevivir en condiciones de terreno. Compañía Minera Nevada SPA, Barrick Sudamérica, Chile.

9. DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES DE PLANTAS VASCULARES PERTENECIENTES A GÉNEROS ENDÉMICOS DEL ALTIPLANO SUDAMERICANO Y SU REPRESENTATIVIDAD EN ÁREAS SILVESTRES PROTEGIDAS EN CHILE. (Distribution of vascular plant species from endemic genus in the South American Altiplano and their representativity in protected areas in Chile.)

Fuentes-Castillo, Ta.¹, Moreira-Muñoz, A.², Hernández, J.¹, ¹Gestión Forestal y su Medio Ambiente. Laboratorio de Geomática y Ecología del Paisaje, Ciencias Forestales y de la Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile. ²Instituto de Geografía, de Historia, Geografía y Ciencia Política, Pontificia Universidad Católica de Chile.

La representatividad permite evaluar cuán adecuadas son las áreas protegidas (APs), para incluir todo el rango de especies y ecosistemas de una región. El Altiplano Sudamericano se sitúa sobre los 3000 m.s.n.m, entre los 15° S y 28° S. Esta zona forma parte del Ecosistema Crítico de los Andes Tropicales. En este trabajo se presenta un análisis de representatividad en las APs de Chile, considerando la distribución de especies de plantas vasculares de la familia Asteraceae, y que corresponden además a géneros endémicos del Altiplano Sudamericano. Se analizan especies de los géneros *Parastrephia*, *Chersodoma*, *Xenophyllum*, *Diplostephium* y *Lophopappus*. Se realizaron modelos de distribución de especies, para luego analizar la meta de conservación del 17% de las distribuciones obtenidas. Dicha meta fue evaluada con el software Zonation, el cual ordena jerárquicamente el paisaje de acuerdo a prioridades de conservación. Los resultados permiten evaluar los niveles de representatividad de dichas especies y el rol del actual portafolio de APs en Chile, las cuales se concentran en la Región de Arica y Parinacota y Tarapacá. La aplicación de este enfoque puede ser de gran utilidad para identificar y corregir los vacíos existentes de protección de especies de importancia la zona norte de Chile.

10. CONTRIBUYENDO CON LA CONSERVACIÓN DE PLANTAS NATIVAS EN UN ESPACIO DE EDUCACIÓN NO FORMAL: EXPERIENCIAS CON ESCOLARES RURALES EN LA REGIÓN DE ARICA Y PARINACOTA (Conservation of native plants: experiences with rural students from Arica and Parinacota region.)

Belmonte, E.¹, Bahamondes, D. ^{2,1}Departamento Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Tarapacá. ²Instituto de Estudios Urbanos y Territoriales, Facultad de Arquitectura, Diseño y Estudios Urbanos, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Morella pavanis, Myricaceae (huacano) es un árbol nativo, dioico, que alcanza los 12 metros de altura, crece cerca de cursos de agua formando bosquetes abiertos en la cabecera del río Lluta. Las poblaciones se han reducido por acción antrópica y porque los árboles son arrastrados por la corriente en los meses de verano cuando aumenta el caudal del río por efecto de las lluvias altiplánicas. Especie amenazada en categoría Vulnerable.

En esta área se encuentra la escuela municipal de Molinos, cuyos estudiantes son todos aymara hablantes, cursan entre 1° y 5° año de EB y conocen perfectamente al huacano porque cumplen labores agrícolas fuera de la jornada escolar.

Con el fin de contribuir a la conservación de este árbol, los estudiantes fueron invitados a estudiar el ciclo de vida del huacano, identificando plantas masculinas y femeninas por las características de sus flores, y registrando fenofases hasta la formación de frutos.

En la zona precordillerana de la región de Arica y Parinacota, las acciones tendientes a la conservación de plantas nativas se centraron en los alrededores de las escuelas de Ticnamar, Belén, Murmuntani y pueblo de Mallku, donde los estudiantes construyeron senderos interpretativos botánicos.

11. LA SOBREVIVENCIA Y EL CRECIMIENTO DE PLÁNTULAS DE UNA PALMA ENDÉMICA DE CHILE: EFECTO COMBINADO DE HERBÍVOROS Y PLANTAS NODRIZAS (Seedling survival and growth of the endemic palm of Chile: the combined effect of herbivores and nurse shrubs)

Fleury, M.¹, Marcelo, W.², Vásquez, R.², Bustamante, R.², ¹Ecología Terrestre & Gestión Forestal y su Medio Ambiente Universidad de Chile. ²Ecología Terrestre Universidad de Chile.

Los matorrales suelen considerarse como plantas nodrizas cuya proximidad pueden aumentar la probabilidad de regeneración, especialmente en ambientes dominados por estrés abiótico tales como los mediterráneos. El efecto facilitador de las plantas nodrizas se vincula a diferentes factores como la protección contra la herbivoría y la desecación bajo su dosel. Desde esta perspectiva, durante 18 meses monitoreamos la sobrevivencia, herbivoría y crecimiento de 300 plántulas de *Jubaea chilensis*, una palmera endémica y amenazada de Chile central. Las plántulas fueron transplantadas fuera y bajo la copa de las siete especies más representativas de los matorrales, así como con y sin la exclusión de herbívoros vertebrados. El experimento en terreno demostró no haber diferencias significativas en la sobrevivencia de plántulas bajo las distintas especies de matorral. Los matorrales no incrementan la sobrevivencia o crecimiento de las plántulas de *J. chilensis*. A su vez, la protección contra herbívoros ejerce un factor preponderante en la sobrevivencia de plántulas de *J. chilensis*. La mortalidad fue significativamente superior en las plantas sin protección contra los herbívoros que en las con exclusión (0,7% y 27,5%, respectivamente), teniendo como principal agente los conejos exóticos invasores *Oryctolagus cuniculus*. Nuestros resultados demuestran la importancia de la exclusión o control de herbívoros en el establecimiento de plántulas de *J. chilensis*, acción fundamental para el la preservación de esta emblemática especie.

Instituto de Biodiversidad-IEB, Fondecyt, International Palm Society, Programa de Estímulo a la Excelencia Institucional-PEEI de la Universidad de Chile y Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico-CNPq.

12. RIQUEZA Y ABUNDANCIA DE ESPECIES EXÓTICAS EN UN BOSQUE TEMPLADO LLUVIOSO: INFLUENCIA DE LA DISPONIBILIDAD DE LUZ Y LA ABUNDANCIA DE ESPECIES NATIVAS (Alien species richness and abundance in a temperate rainforest: influence of light availability and native species abundance)

Canessa, R.¹, Gianoli, E.^{2,1}, Saldaña, A.¹, ¹Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Departamento de Biología Universidad de La Serena. (Sponsored by Ernesto Gianoli)

En ecología de invasiones, el concepto de resistencia ecológica abarca aquellos factores bióticos (e.g. diversidad local) y ambientales (e.g. disponibilidad de recursos) que limitan el éxito de las especies exóticas en el ambiente invadido. Los bosques son generalmente considerados como resistentes a las invasiones debido a su baja disponibilidad lumínica y al carácter pionero de la mayoría de las especies exóticas. En el bosque templado lluvioso del Parque Nacional Puyehue (PNP), existen 37 especies exóticas, la mayoría herbáceas, asociadas a sitios abiertos y bordes de camino, pudiendo algunas establecerse en el sotobosque. Planteamos que la disponibilidad lumínica, la riqueza y abundancia de especies nativas influyen la riqueza y abundancia de exóticas. Se muestrearon 60 parcelas de 4x2m en el bosque del PNP, midiendo la riqueza y abundancia de especies exóticas y nativas, y la disponibilidad de luz. Se contabilizaron 74 especies (31 exóticas y 43 nativas). La riqueza de plantas exóticas se relaciona, positivamente, sólo con la disponibilidad de luz ($\beta=0.47$, $p=0.0202$), mientras que su abundancia aumenta con la disponibilidad de luz y disminuye con la abundancia de especies nativas ($\beta=0.42$, $p=0.0004$; $\beta=-0.47$, $p<0.0001$, respectivamente). No existe relación entre la abundancia de especies nativas y la disponibilidad de luz. En el gradiente lumínico forestal, las especies exóticas serían favorecidas en claros y verían limitada su abundancia en los sitios de menor disponibilidad de luz, probablemente por competencia en el uso de los recursos con las especies nativas, cuya abundancia contribuiría a la resistencia ecológica en este tipo de ecosistemas.

Fondecyt: 1040070, 1140455

13. ALERTAMÁXIMA, EL CARACOL DE BARRONEO ZELANDÉS *POTAMOPYRGUS ANTIPODARUM* (GASTROPODA: TATEIDAE) HA LLEGADO A SUDAMÉRICA (High alert, the New Zealand mud snail *Potamopyrgus antipodarum* (Gastropoda: Tateidae) has arrived to South America)

Collado, G. A.¹, ¹Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío, Chillán, Chile. Fundación Chile Natura, Santiago, Chile. *Potamopyrgus antipodarum* (Gray, 1843) es uno de los molusco exóticos más extendidos en el mundo. En el presente estudio se informa el hallazgo de esta especie en el centro de Chile como el primer registro realizado en Sudamérica. La identidad taxonómica de la especie fue determinada mediante análisis filogenético basado en secuencias parciales del gen citocromo c oxidasa subunidad (COI), las cuales fueron analizadas utilizando los métodos de máxima parsimonia e inferencia bayesiana abarcando una gran variedad de taxa al interior de la superfamilia Risssoidea. El análisis molecular identificó cuatro poblaciones de *P. antipodarum* en el centro de Chile, lo cual fue corroborado por evidencia morfológica y reproductiva. Dos poblaciones se encontraron en la ciudad de Santiago, Región Metropolitana, una de ellas en una vertiente del Parque O'Higgins y la otra en el estero La Dehesa, mientras otras dos fueron encontradas en el estero Consuelo y el río Chalinga en la ciudad de Salamanca, Región de Coquimbo, situada en una cuenca diferente. No se encontró divergencia genética entre las poblaciones utilizando las secuencias COI. En la vertiente del Parque O'Higgins y en el estero La Dehesa *P. antipodarum* coexiste con una especie de caracol del género *Physa* Draparnaud, 1801, platelmintos y otros invertebrados. Todas las poblaciones de *P. antipodarum* estuvieron compuestas de hembras con embriones o caracoles juveniles en sus bolsas de cría lo que sugiere que son viables y están bien establecidas. Es importante evitar la propagación de *P. antipodarum* a otras localidades de Chile y otros países sudamericanos. Se proponen algunas medidas basadas en experiencias implementadas en otros países invadidos.

Palabras clave: Invasiones biológicas, Caenogastropoda, Risssoidea, Tateidae, gen COI, Chile.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT 11130697.

14. EVALUACIÓN DEL POTENCIAL DE INVASIÓN DEL PEZ LEÓN *PTEROIS VOLITANS*: UNA APROXIMACIÓN MEDIANTE MODELAMIENTO DE NICHOS ECOLÓGICO (Evaluation of the invasion potential of the lion fish, *Pterois volitans*: an approach using ecological niche modeling)

Guzmán, G.¹, Rivera, R.², Neill, P.³, Brante, A.¹, Hernández, C.E.², ¹Ecología, Ciencias, Universidad Católica de la Santísima Concepción. ²Zoología, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ³Educación Thomas Jefferson School. (Sponsored by Cristian E. Hernández Ulloa)

La ecología de invasiones busca identificar los factores claves que determinan la distribución y abundancia de especies no-indígenas, de modo de identificar potenciales nuevos invasores y lugares susceptibles a la invasión. El pez león (*Pterois volitans*) es una exitosa especie invasora, originaria del Indopacífico, que ha tenido una rápida expansión en el Atlántico y el Caribe, desde el norte de EE.UU. hasta el norte de Venezuela. En el presente trabajo, se utilizaron modelos de nicho ecológico para identificar factores ambientales y antropogénicos asociados a la presencia y dispersión de esta especie, e identificar sitios susceptibles a ser invadidos. Los análisis mostraron que las variables abióticas, tales como batimetría y temperatura máxima mensual, contribuyen en mayor proporción a explicar la distribución de *P. volitans*. Factores antropogénicos no aportaron significativamente a los modelos. Nuestros resultados indicaron que existe una alta idoneidad de hábitat, desde la costa Atlántico del norte de los EE.UU. hasta el norte de Argentina, como también desde las costas de México hasta las costas del norte de Chile en el océano Pacífico; existiendo un alto potencial de invasión por *P. volitans* en estos sitios. Esta evidencia sustenta que los modelos de nicho aplicados a la ecología de invasiones son una herramienta potente para la planificación de medidas preventivas o mitigación frente a potenciales nuevas invasiones y la comprensión de la dinámica ecológica de estas especies.

FONDECYT 1140692, 1130807 y 1130868

PROGRAMA DE MAGÍSTER EN ECOLOGÍA MARINA DE LA UCSC

15. SINOPSIS DE LA MORFOLOGÍA FLORAL EN *EUCRYPHIA* CAV. (CUNONIACEAE) (Floral morphology in *Eucryphia* Cav. (Cunoniaceae))

Pennekamp, D.¹, Bull-Hereñu, K.², Ronse De Craene, L.³,¹ Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile. ²Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ³Tropical Diversity Royal Botanic Garden Edinburgh. (Sponsored by Kester Bull-Hereñu)

La morfología floral del género gondwánico *Eucryphia* Cav. es única dentro de las Cunoniaceae al presentar un androceo poliándrico, un gineceo multicarpelar, un cáliz con fusión apical postgenital y un tamaño de corola relativamente grande. Con el objeto de distinguir cualitativa y cuantitativamente los distintos integrantes del género, hemos realizado un estudio morfológico de los cinco taxa existentes en el Real Jardín Botánico de Edimburgo incluyendo cuatro especies y una variedad cultivar. Para cada taxón se documentaron 50 flores contabilizando el número de brácteas, estambres, estilos y pétalos. También se midieron el largo y ancho del pétalo mayor y menor de cada flor. Las mediciones expresan que las especies pueden ser distinguidas en cuanto al número de órganos reproductivos. Es así como *E. milliganii* presenta el menor número promedio de estambres de 54 ($\pm 4,5$) y 5 ($\pm 0,5$) carpelos, mientras que en el otro extremo *E. glutinosa* presenta en promedio 247 ($\pm 16,1$) estambres y 11 ($\pm 1,4$) carpelos. Interesantemente el tamaño de la corola se correlaciona con el número de órganos, sugiriendo que el tamaño adulto de la flor podría estar determinado por el tamaño del meristema floral respectivo. También se detectaron diferencias cualitativas como la posición de los estigmas relativo a las anteras, la ocurrencia de estructuras de naturaleza híbrida entre pétalo y estambre, así como la proliferación de estructuras petaloides, con cierta frecuencia en *E. lucida* y *E. cordifolia* y llegando a su máxima expresión en el cultivar en *E. glutinosa* plena. Esto último destaca el rol del ambiente de cultivo en la generación de variantes fenotípicamente extremas de probable inviabilidad en el estado salvaje. Proyecto Fondecyt 3130417

16. VARIACIÓN GEOGRÁFICA DE LA BIOLOGÍA TÉRMICA DE LA LAGARTIJA *LIOLAEMUS PICTUS* EN CHILE. Geographic variation of the thermal biology of the chilean lizard, *Liolaemus pictus*.

Artacho, P.¹, Saravia, J.¹, Bartheld, J. L.¹, Castañeda, L.E.¹, ¹Ciencias Ambientales y Evolutivas, Ciencias, Universidad Austral de Chile.

El estudio de la biología térmica de animales ectotermos que habitan amplios rangos geográficos o ambientes contrastantes es valioso para comprender las bases de su variación, y tratar de predecir su respuesta frente a cambios climáticos. Las lagartijas del género *Liolaemus* habitan un amplio rango de ambientes y su capacidad de termorregulación está restringida en gran parte por las condiciones térmicas del ambiente en que viven. Dado que la variación ambiental puede traducirse en variación en la biología térmica dentro de una especie, se estudiaron tres poblaciones de *Liolaemus pictus* en los márgenes de su distribución en Chile (Vilches y Nahuelbuta en el extremo Norte y Chaitén en el extremo sur). Se registraron la temperatura corporal, temperatura del sustrato y temperatura operativa en terreno, además de la temperatura preferida y límites térmicos máximos y mínimos en laboratorio a fin de evaluar la capacidad termorreguladora y límites de tolerancia de cada población. No se encontraron diferencias en la temperatura corporal en campo pero sí en los rasgos evaluados en laboratorio. Sorprendentemente la población de Chaitén mostró una temperatura preferida y límite térmico máximo mayor que las poblaciones del norte. Se discuten los resultados obtenidos en el contexto del cambio climático y sus potenciales efectos sobre las poblaciones de esta especie.

Proyecto Fondecyt 11121365

17. TRAYECTORIA DEL DESARROLLO MORFOESTILAR EN *OXALIS* L. (Ontogenetic trajectories of stylar morphs in *Oxalis* L.)

Miranda G., S.¹, Parra, C.¹, Bull-Hereñu, K.², ¹Escuela de Pedagogía en Biología y Ciencias, Facultad de Ciencias de la Educación, Universidad Central de Chile. ²Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by Kester Bull)

Uno de los atributos más llamativos de la flor de *Oxalis* L. es que presenta heterostilia, condición de polimorfismo intraespecífico que consiste en la existencia de tres morfotipos florales dentro de una población. Los morfotipos se distinguen por el tamaño del estilo en relación a los estambres: 1. macroestílico, en que los estigmas superan a las anteras en altura, 2. microestílico, en que los estigmas están bajo las anteras y 3. mesoestílico, en que los estigmas se encuentran entre las anteras mayores y menores. En este trabajo quisimos averiguar cuál es el momento ontogenético en que el crecimiento de los estilos diverge para dar finalmente a lugar a los tres morfos posibles. Con este fin observamos yemas flores de *Oxalis squamata* Zucc. en distintos estadios de desarrollo para reconstruir el crecimiento del estilo según morfotipo. Se montaron en portaobjetos 25 yemas florales por morfotipo, las que fueron fotografiadas bajo la lupa. Con el programa Image J se midieron los tamaños de los estilos y anteras. Las tasas de crecimiento del estilo y estambres menores se estimaron a través de regresión lineal en referencia al tamaño de los estambres mayores. Los resultados muestran que en un comienzo todos los morfotipos presentan sus estigmas superior al nivel de las anteras (estilo ca. 1000 μ m). A continuación, las trayectorias ontogenéticas difieren, siendo las tasas de crecimiento mayor en el morfotipo macro y menor en los morfotipos meso y micro. Agradecimientos: Nathalie Orellana

Investiga UCEN, Proyecto Fondecyt postdoctoral 3130417

18. IDENTIFICACIÓN DE LA REGENERACIÓN NATURAL EN LA REGIÓN DEL MATORRAL Y BOSQUE ESCLERÓFILO EN LA ZONA CENTRAL DE CHILE (Identification of Natural Restoration in the sclerophyllous forest and shrub region in the Central Zone of Chile)

Valencia, C.¹, Miranda, A.², Altamirano, A.², Smith-Ramírez, C.³, Bustamante-Sánchez, M.⁴,¹ Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Universidad de La Frontera. ²Laboratorio de Análisis Cuantitativo de Recursos Naturales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Universidad de La Frontera. ³Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ⁴Departamento de Manejo de Bosques y Medio Ambiente, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción.

La región del matorral y bosque esclerófilo ha sido perturbada en los últimos 40 años, perdiéndose más del 40% de la cobertura remanente. Debido a condiciones climáticas adversas, baja fuente de propágulos e intensa herbivoría, se afirma que es improbable que ocurra el proceso de regeneración natural. Sin embargo, existen condiciones en las cuales dicho proceso puede ser favorecido (zonas de exposición sur, costeras o con mayor humedad relativa). Este proceso presenta un patrón agrupado de regeneración, en donde la cobertura de especies pioneras actúa como nodriza generando condiciones ambientales favorables para el desarrollo de las especies tardías. Esto se ha observado tanto en la zona costera como andina en ciertas localidades y con un cierto nivel de protección, sin estudiarse todavía los patrones de regeneración en zonas más amplias. Se realizó una búsqueda de ocurrencia de regeneración natural en el bosque esclerófilo en las regiones de Valparaíso y Metropolitana, para ello mediante el análisis visual de NDVI (calculado de imágenes satelitales LANDSAT entre los años 1985 y 2014), se buscó un cambio abrupto en la respuesta espectral reflejo de un aumento de la cobertura vegetal. Posteriormente, se corroboró con fotografías aéreas el aumento de cobertura en zonas antes degradadas o descubiertas. Se encontraron 135 puntos de aumento de cobertura, un 61% se encuentra en la quinta región y un 38% en la región metropolitana. Los resultados preliminares mostrarían una alta regeneración en la zona costera lo cual permitiría comprender las condiciones ambientales de este proceso y así, establecer políticas de recuperación de bosque nativo.

Proyecto FONDEF CA13I10276: Sistema Integrado de Planificación de Proyectos para la Restauración de Ecosistemas Forestales en Chile.

Dirección de Investigación: Universidad de La Frontera.

19. ACTUALIZACIÓN SOBRE LAS ASOCIACIONES RAÍZ-HONGO EN PLANTAS VASCULARES ANTÁRTICAS (Update On Root Fungal Associations Of Antarctic Vascular Plants)

Torres-Mellado, G. A.¹, Vidal-Araya, C.², Palfner, G.¹, Casanova-Katny, M. A.³, ¹Laboratorio de Micología y Micorrizas, Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.²Laboratorio de Recursos Renovables, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción.³Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. (Sponsored by María Angélica Casanova-Katny)

Bajo las condiciones ambientales extremas de la Antártica las dos plantas nativas, *Deschampsia antarctica* y *Colobanthus quitensis*, han sido reportadas como carentes de las típicas asociaciones raíz-hongo encontradas en otras partes del mundo, i.e. asociaciones con hongos micorrícicos. El objetivo de este estudio fue identificar las actuales asociaciones raíz-hongo y sus propágulos, en raíces y suelo rizosférico de *D. antarctica*, *C. quitensis* y la especie introducida *Poa annua*. Las muestras fueron recolectadas en un transecto norte-sur a lo largo de la Antártica marítima en tres grandes áreas: las islas Shetland del Sur, Bahía Paraíso y Bahía Margarita; y en hábitats con distinto suministro de agua. Las raíces se almacenaron en etanol 70% y en laboratorio fueron teñidas con azul de tripán 0,01%, y se montaron 30 cm en portaobjetos con lagtoglicerol para observación microscópica. Los propágulos del suelo fueron obtenidos mediante tamizado húmedo/decantación y centrifugación en un gradiente de sacarosa. En raíces los hongos más comunes, para ambas especies nativas, fueron los endófitos de septos oscuros, con hifas melanizadas y estructuras afines a esclerocios. No se reconocieron signos de micorriza arbuscular en ninguna de las especies. En segundo lugar, se encontraron quitridios afines a *Olpidium*, en diversos estadios de desarrollo, sobre todo en los sitios más húmedos. *Poa annua* se encontró libre de colonización por cualquier tipo de hongo. En el suelo, se encontraron microesclerocios de ascomicetos, con una mayor abundancia en los suelos más húmedos y con cobertura de musgos. No se encontraron glomerosporas. El rol funcional de los grupos fúngicos identificados es discutido considerando el actual escenario de calentamiento de la Antártica.

INACH T03-07, FONDECYT 1120895

20. ESPECIE INVASORA *BROUSSONETIA PAPYRIFERA*, CONSIDERADA PATRIMONIAL Y VULNERABLE EN LA ISLA RAPA NUI. (Invasive species *Broussonetia papyrifera*, patrimonial and considered vulnerable in the Rapa Nui Island.)

Rojas, G.¹, Seelenfreund, A.², ¹Botánica Museo Nacional de Historia Natural.²Escuela de Antropología Universidad Academia de Humanismo Cristiano .

La morera de papel *Broussonetia papyrifera* originaria de Asia oriental particularmente de China, Vietnam y Taiwan donde se cultiva hace milenios, también en, Japón. Fue introducida en la Polinesia y en Isla de Pascua por su corteza cuya fibra se usaba en la fabricación de telas para vestimenta y objetos ceremoniales. En la actualidad en Rapa Nui la especie es considerada parte de su patrimonio natural y cultural. En muchos lugares del mundo, este árbol dioico, es considerado invasor, no así en las islas del Pacífico, incluyendo Rapa Nui. El objetivo del estudio fue conocer las características y dimensiones de la población y los controles que se mantienen sobre ésta con el fin de asegurar este carácter no invasivo. A partir del análisis de poblaciones distribuidas en diferentes lugares se concluye que esta planta se mantiene en antiguos jardines de piedra, depresiones y laderas rocosas en especial al interior del Volcan Rano Kao. No se ha escapado de estas áreas. Los individuos son de tipo arbustivos y presentan ramas de un metro que rebrotan cada temporada. El

carácter invasor se pierde en la isla dado que solo se han localizado plantas femeninas, a pesar que registros polínicos delatan su posible presencia en el pasado. La población humana explota las poblaciones para hacer artesanías y no hay plantaciones extensas. Por otro lado, las poblaciones se ven amenazadas y reducidas por ser alimento de caballos y ganado bovino. Se recomienda promover su cultivo y prácticas de manejo con el fin de no diezmar las poblaciones que sobreviven en los antiguos jardines.

Fondecyt N°1120175.

21. EVALUACIÓN DEL RIESGO DE INTRODUCCIÓN BIOLÓGICA A TRAVÉS DE AGUA DE LASTRE: EL PUERTO SAN VICENTE, REGIÓN DEL BIOBÍO, COMO CASO DE ESTUDIO. (Risk assessment of biological introduction through ballast water: The harbor of San Vicente, Biobío Region, Chile, as a case study)

Henríquez-Brunet, M., Yáñez, S.¹, Tellier, F.², ¹Oceanografía, Doctorado Oceanografía, Universidad Concepción.²Ecología, Ciencias, Universidad Católica Santísima Concepción.

El agua de lastre es reconocido por científicos y políticos como uno de los principales vectores de especies no nativas potencialmente invasoras. En Chile, las medidas de prevención actuales son aún menos rigurosas que las recomendadas a nivel internacional, en consecuencia los riesgos de invasión permanecen latentes. En esta investigación, se caracterizó el riesgo para el Puerto San Vicente (Región del Biobío). Como el tiempo de residencia del lastre es considerado un factor determinante para la supervivencia de los organismos planctónicos, se realizó lo siguiente: (1) un análisis de 393 reportes de agua de lastre (correspondientes a las recaladas durante un año) para estimar el tiempo de residencia del lastre, su volumen y su región de origen y (2) una estimación de la abundancia de organismos vivos en los lastres de buques internacionales en relación con el tiempo de residencia del lastre. El análisis de los reportes reveló que en San Vicente destacan los buques de tipo container y los chip carrier por su gran volumen de agua transportada y por su procedencia exclusiva de América del Sur y de Asia, respectivamente. A pesar que la información reportada por las tripulaciones con respecto al origen y volumen del lastre fue incompleta en el 80% de los casos, se pudo sacar ciertas recomendaciones para la fiscalización. En los lastres muestreados, se evidenció la presencia de zooplancton vivo (ej. Copepoda y Chaetognata) a pesar de tiempos de residencia prolongados (hasta 26 días) y de procedimientos de tratamiento del lastre. Aunque este trabajo de investigación pionero requiere ser ampliado a otros puertos para mejorar la evaluación, ya es una base importante para apoyar a la toma de decisión y disminuir del riesgo de introducción.

EVOLUCIÓN

22. CONTRASTANDO LAS RESTRICCIONES HISTÓRICAS Y ECOLÓGICAS EN LA EVOLUCIÓN DE SALMÓNIDOS PARA EXPLICAR SU RELACIÓN TAMAÑO CORPORAL - RANGO LATITUDINAL (Contrasting the historical and ecological constraints in the evolution of salmonids to explain their relationship body size - latitudinal range)

Valenzuela-Aguayo, F.¹, Cañas-Rojas, D.¹, Avaria-Llautureo, J.¹, Gomez-Uchida, D.¹, Hernández, C.E.¹, ¹Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. (Sponsored by Daniel Guillermo Gomez Uchida)

Dado que la relación positiva entre tamaño corporal (TC) vs. rango latitudinal (RL) refleja el efecto del TC sobre los rangos de tolerancia de una especie, se ha propuesto que esta relación reflejaría restricciones evolutivas del ambiente que determinan los procesos de diversificación de un taxa (i.e. efectos filogenéticos por historias compartidas). Esto implica que las historias únicas (de escala ecológica) de cada linaje viviente no serían importantes en explicar esta relación. Sin embargo, taxa como los Salmónidos han subsistido a pesar de las repetitivas contracciones y expansiones de sus rangos de distribución durante el Pleistoceno, y su particular plasticidad fenotípica (uso de oportunidades transientes del ambiente), lo cual sugiere que en estos taxa las historias únicas sí jugarían un papel importante en definir la relación TC/RL. En el presente estudio las hipótesis propuestas se evaluaron por medio de: 1) la significancia de la relación entre TC y RL para 222 especies de la Familia Salmonidae; y 2) la señal filogenética de ambos rasgos en 66 especies de salmónidos usando el método comparativo filogenético (MCF) en un contexto bayesiano. Nuestros resultados indican que el TC explica un 28% de la variación en RL ($t=9,3$ $p < 2.20E-16$) y que ambos rasgos están correlacionados positivamente ($R=0.52$) en las 222 especies. El MCF demostró que ninguno de los rasgos evaluados presentan señal filogenética ($\lambda=0$). Esto sugiere que el TC y RL serían rasgos plásticos que han evolucionado independientemente de la historia compartida que muestra la filogenia del grupo, lo que es consistente con la importancia de la plasticidad fenotípica para responder a presiones ambientales, y así determinar los rangos de tolerancia en las especies de esta familia.

FONDAP 15110027; FONDECYT 1130807

23. FILOGENIA DEL GENERO APOROCOTYLE (DIGENEA: SANGUINICOLIDAE) EN PECES DEL GENERO MERLUCCIIUS EN CHILE (Phylogeny of members of *Aporocotyle* (Digenea Sanguinicolidae) in fishes of the genus *Merluccius* from Chile)

Bruning, P.¹, Valdivia, I.¹, Cardenas, L.¹, George-Nascimento, M.², Oliva, M.³, ¹Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Ciencias, Universidad Austral de Chile. ²Ecología, Ciencias, Universidad Católica Santísima Concepción. ³Inst. Alexander von Humboldt, FACIMAR, Universidad de Antofagasta.

En Chile para el género *Merluccius* se han descrito dos especies del género *Aporocotyle*; *A. wilhelmi* en *Merluccius gayi* y *A. australis* en *Merluccius australis*, estos parásitos se han descrito como parasito-hospedador específico. En concordancia con este patrón se espera que la filogenia de los parásitos sea congruente con los hospedadores como reflejo del proceso de coevolución. En este trabajo obtuvimos secuencias del la región V4 del gen 18S rRNA para individuos de *Aporocotyle* extraídos de las branquias y corazón de *M. australis* y *M. gayi* con el objetivo de reconstruir la filogenia del grupo y evaluar el estatus especie específico descrito. Los resultados muestran que parásitos recolectados en ambas especies están incluidos dentro de un grupo monofilético, siendo parte de una misma unidad genética, sugiriendo que *Aporocotyle* de *Merluccius* pertenecería a una sola especie. Las implicancias taxonómicas de estos resultados se discuten en base al conocimiento actual de este género. Estos resultados son parte de un trabajo que pretende entender los principales factores que explicarían los patrones evolutivos en parásitos marinos usando una aproximación comparativa del sistema Parasito-hospedador.

Fondecyt 1140173

24. ESTRUCTURA GENÉTICA E INFERENCIA DEMOGRÁFICA DEL PINGÜINO BARBIJO *PYGOSCELIS ANTARCTICUS* EN LA PENÍNSULA ANTÁRTICA DURANTE LA ÚLTIMA TRANSICIÓN GLACIAL-INTERGLACIAL (Population genetic structure and demographic inference of barbigio penguin (*Pygoscelis antarcticus*) along Antarctic Peninsula during the last glacial-interglacial transition)

Pimentel, C.¹, Vianna, J.², Peña, F.², Poulin, E.², Dantas, G.³, ¹Ciencias Ecológicas, Ciencias, Universidad de Chile. ²Ecosistemas y Medio Ambiente, Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. ³Departamento de Biología Geral, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais.

Actualmente, la Península Antártica es reconocida como una de las regiones más impactadas por el calentamiento global a nivel mundial. En esta zona se han observado cambios rápidos en los tamaños poblacionales de aves y mamíferos marinos. En particular, los pingüinos del género *Pygoscelis* han mostrado respuestas diferenciales en sus dinámicas poblacionales frente al calentamiento global. Cambios climáticos de mayor magnitud a los experimentados hoy con el fenómeno del calentamiento global han existido en el pasado, afectando principalmente las regiones polares y templadas. La transición hacia el actual periodo interglacial, iniciada luego del Último Máximo Glacial, ha tenido importantes consecuencias sobre la distribución geográfica y la demografía de especies presentes en estas regiones, alterando a su vez su estructuración genética intraespecífica. Para evaluar la respuesta del pingüino barbigio (*Pygoscelis antarcticus*) durante la última transición glacial-interglacial, se caracterizó la diversidad genética de poblaciones provenientes de la Península Antártica y de las Islas Shetlands del Sur, investigando la región control del ADN mitocondrial y el gen nuclear β fibin7. Al igual que para *P. papua* y *P. adelia*, especies congénicas estudiadas previamente en la misma zona, *P. antarcticus* presentó una alta diversidad genética para la región control, además de señales de crecimiento poblacional al inicio del Holoceno, mostrando una historia común para estas tres especies. Sin embargo, a diferencia de las otras especies de *Pygoscelis*, para *P. antarcticus* no se encontró estructuración poblacional, lo que podría sugerir un mayor flujo génico entre poblaciones y un comportamiento filopátrico menos estricto.

25. SIMILITUD GENÉTICA Y PATRONES DE HIBRIDACIÓN ENTRE ESPECIES DE *MYRCEUGENIA* DE CHILE CENTRAL. (Genetic similarity and hybridization among *Myrceugenia* species of Central Chile)

Irrarrázabal, C.¹, Cossio, M.¹, Peralta, G.², Pérez, F.^{2,3}, ¹Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ³Ecología, Instituto de Ecología y Biodiversidad. (Sponsored by Fernanda Pérez)

Myrceugenia es un género formado por especies de árboles y arbustos siempre verdes, con dos centros de diversificación, uno en Chile y otro en el sudeste de Brasil. De acuerdo a estudios con cpADN y nADN (ITS), las especies chilenas se agrupan en tres clados. El clado más basal está formado por las 5 especies que alcanzan latitudes mas septentrionales, incluyendo *M. corneifolia*, *M. exsucca*, *M. lanceolata*, *M. obtusa* y *M. rufa*. Aun cuando este grupo tiene buen apoyo estadístico, las relaciones dentro del grupo están poco definidas. Además se han documentado híbridos entre algunas de las especies. Para establecer las relaciones de parentesco dentro del grupo y detectar posibles híbridos, desarrollamos 8 partidores específicos para regiones microsatelitales y estudiamos los patrones de diversidad genética de 4 a 7 poblaciones de cada especie, incluyendo 6 localidades con al menos dos especies creciendo en forma simpátrica. Encontramos una marcada diferencia entre todas las especies, exceptuando *M. exsucca* que conforma una unidad con *M. lanceolata*. Estos resultados, junto con la presencia de individuos con características morfológicas intermedias en localidades donde las dos especies coexisten, indican hibridación.

Fondecyt 1141047; ICM p005-002 to IEB

26. ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE *ABROTHRIX OLIVACEUS* (RODENTIA, SIGMODONTINAE) EN FRAGMENTOS DE VEGETACIÓN DE LA ISLA DE CHILOÉ Y POBLACIONES DEL CONTINENTE. (Genetic variability analyses of *Abrothrix olivaceus* (Rodentia, Sigmodontinae) in vegetational patches of the Chiloe island and mainland Chile.)

Zepeda, P.¹, Cancino, R.¹, Celis, J.L.², Palma, E.¹, ¹y²Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Escuela de Agronomía Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Abrothrix olivaceus (Rodentia, Sigmodontinae) es una especie que se caracteriza por poseer un amplio rango de distribución desde el sur de Perú hasta la Patagonia. Análisis filogeográficos previos han reportado que ésta es una especie altamente estructurada lo que sugiere una fuerte adaptación local, característica interesante si lo que se pretende es analizar variabilidad genética a lo largo de gradientes geográficos. Estudios filogeográficos previos en el ratón oliváceo demostraron que poblaciones de Valdivia y Chiloé pertenecerían a un mismo clado, y más aún a una misma subespecie, *Abrothrix olivaceus brachiotis*.

En este trabajo se evaluó la variación genética a nivel nucleotídico y con marcadores microsatélites entre fragmentos de vegetación con presencia del roedor sigmodontino *Abrothrix olivaceus* en la isla de Chiloé, y con poblaciones de la misma y otras subespecies de *A. olivaceus* de la parte continental de Chile. Específicamente evaluamos los efectos que ha tenido la fragmentación de las poblaciones en los diversos índices de variabilidad genética poblacional en esta especie. Los resultados del análisis de las secuencias nucleotídicas utilizando un marcador mitocondrial (D-Loop) demuestran baja variabilidad y estructuración entre poblaciones de Chiloé y Chile continental dentro de la misma subespecie (*A. o. brachiotis*). En este trabajo se evaluó si los marcadores microsatélites dan cuenta de este mismo patrón de baja variabilidad entre poblaciones insulares y continentales de esta especie.

Proyecto Fondecyt 1130467

27. APAREAMIENTO ENTRE DOS POBLACIONES CHILENAS DE *Drosophila pavana*. (Mating between two Chilean populations of *Drosophila pavana*.)

Álvarez, E.¹, Jara, C.¹, Pino, L.¹, Medina, M.C.², Godoy-Herrera, R.¹, ¹Programa de Genética, Medicina, Universidad de Chile. ²Biología, Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha de Ciencias de la Educación.

La conducta de apareamiento influye en el flujo de genes entre poblaciones y también en la formación de especies. Información previa, sugirió diferencias genéticas para conducta de alimentación entre las poblaciones La Florida (Santiago) y Chillán de *D. pavana*. Aquí conjeturamos que estos aislados son genéticamente distintos, porque hay restricción al flujo de genes entre ellos, causado por la distancia que los separa (420 km.) y por diferencias en conducta sexual. Confrontamos los sexos de una población en presencia y ausencia de adultos de la otra población. Además, registramos duración de la cópula, porcentaje de hembras inseminadas y la morfología de la genitalia masculina de ambas poblaciones. Con los datos se realizó un análisis multivariado, ANOVA y Tukey-Kramer. Los machos La Florida difieren de los de Chillán en la frecuencia de uso de elementos del cortejo, mientras las hembras prefieren copular con machos de su población. La cópula entre los individuos de la misma población, duró significativamente más que entre los sexos de diferente población. Sin embargo, la genitalia de los machos La Florida y Chillán es morfológicamente muy parecida. Los hallazgos sugieren que la conducta de apareamiento restringe el flujo de genes entre las poblaciones, indicando que esta conducta es uno de los factores responsables de diferencias genéticas entre La Florida y Chillán.

ENLO12/14.

28. CARACTERIZACIÓN DE LA DIVERSIDAD UNIPARENTAL DE UNA MUESTRA DE LA POBLACIÓN CHILENA DE VALDIVIA: AVANCES PRELIMINARES. (Characterization of uniparental diversity of a Valdivian (Chile) sample population. Preliminary advances)

Henríquez, M.^{*1}, Saravia, J.^{*1}, Guillemín, M.-L.¹, Gómez, R.², Cárdenas, L.¹, Rodríguez, Maricruz ², ¹Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. ²Departamento de Toxicología Cinvestav-IPN, México D.F., México.

Como en otros países de Sudamérica, la población actual de Chile se formó a partir de los procesos de colonización del siglo XVI y posteriores migraciones. El análisis de marcadores uniparentales constituye un excelente método para estudiar los orígenes étnicos de las poblaciones. Estudios realizados en otras poblaciones de América Latina, muestran un importante sesgo en los orígenes de las poblaciones sudamericanas; ancestría materna primordialmente amerindia, y paterna principalmente europea. Debido a la intensa inmigración europea en el sur de Chile, la población de Valdivia ofrece un excelente modelo para aproximarse a la diversidad genética contemporánea de Chile austral. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la diversidad uniparental (mtDNA y Y-STR) de la población valdiviana y compararlos con muestras de individuos sudamericanos y europeos. El ADN se obtuvo a partir de células de la mucosa oral. Los participantes firmaron una carta de conocimiento informado y una de genealogía, autorizando la toma de muestra. El ADNmt fue amplificado mediante PCR y se analizaron los polimorfismos mediante la secuenciación de las regiones hipervariables I y II. El análisis de Y-STR se llevó a cabo mediante PCR en punto final y electroforesis capilar. Los resultados son discutidos a la luz de la historia de colonización del sur de Chile.

*Autores que contribuyeron en igual medida al trabajo
Programa de Magíster en Ciencias mención Genética, UACH.

29. ESTUDIO DE PROPIEDADES LOCALES DERIVADAS DE LA ESTABILIDAD GLOBAL EN LOS CÓDIGOS GENÉTICOS CON SESGO EN EL USO DE CODONES (Study of Local Properties Derived From Global Stability In Genetic Codes With Codon Usage Bias)

Salinas, D.¹, Gallardo, M.¹, Osorio, M.¹, ¹Centro de Investigación Biomédica, Facultad de Medicina, Universidad Diego Portales.

From chemical or physical properties of amino acids, as hydropathy index, it can be possible to define a global error for the genetic code, as a result of mistakes in translation or transcription. For the stability, given by minimization of such error function, local conditions are necessary (depending on the nearest codons), which are verified more strongly in natural codes. Here we study how codon usage bias perturbs these local conditions of the set of codons and the maximization of the stability about the encoded amino acid properties. For this, we compare measures on the canonical code and measures on random codes, observing the probability that a random code satisfies the predicted local conditions better than the canonical code. Then we compare the results under codon usage bias and the results that do not take into account both the frequency of the codons and differences in tRNA availability.

30. CONTRASTANDO HIPÓTESIS ECOLÓGICAS Y EVOLUTIVAS QUE EXPLICAN LOS HOTSPOT DE PRIMATES PLATYRRHINI EN SUDAMÉRICA (Contrasting ecological and evolutionary hypothesis that explaining the Platyrrhini's hotspot in South America)

Vallejos-Garrido, P.¹, Rivera, R.¹, Avaria-Llautureo, J.¹, Oscar, Inostroza-Michael¹, E., Rodríguez-Serrano¹, Hernández, C.¹, ¹Departamento de Zoología, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. (Sponsored by FONDECYT 1140692)

Uno de los patrones emergentes más importantes de la biota Neotropical es la presencia de diversos hotspots de biodiversidad. Para comprender el origen de estas áreas de alto endemismo, se han sugerido Hipótesis Ecológicas (i.e. Importancia de variables ambientales) y Evolutivas (i.e. Mayor diversificación por: Tamaño corporal modal; zonas Hotspot; y Zonas de mayor Estabilidad Climática - Tropicales). En el presente estudio, para evaluar la hipótesis ecológica se utilizó modelos lineales, y las hipótesis evolutivas se evaluaron con el Método Comparativo Filogenético basado en probabilidades, utilizando a los monos del nuevo mundo (Primates: Platyrrhini) como modelo de estudio. Los resultados muestran que la mayor riqueza de primates sudamericanos se encuentra en el bosque húmedo amazónico, lo cual no se correlaciona con las variables ambientales. El tamaño corporal no está relacionado con la tasa de especiación del grupo, aunque muestra una fuerte señal filogenética. Se observó una mayor tasa de diversificación en el bosque amazónico (hotspot de Platyrrhini) dada su menor tasa de extinción en comparación a los Hotspot de Biodiversidad de Sudamérica. Así, estos resultados en conjunto con la antigüedad de los clados, sugieren que la mayor riqueza de especies se debe a la estabilidad geológica y climática de esta zona, sustentando la hipótesis Evolutiva de Estabilidad Climática – Tropical.

FONDECYT 1140692

MICROBIOLOGÍA - GENOMICA - BIOTECNOLOGÍA

31. RESPIRACIÓN MICROBIANA EN SUELOS DE MANGLAR, DELTA DEL RIO RANCHERÍA, COLOMBIA (Soil Microbial Respiration Of Mangrove River Delta Rancheria, Colombia)

Pitre, L.¹, Ramos, Y.², Xiomara, R.¹, Deysis, G.¹, ¹La Guajira, Facultad de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad de La Guajira. ²La Guajira, Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad de La Guajira.

Los manglares son ecosistemas altamente productivos, exportadores de materia y energía, proporcionan protección de zonas costeras contra huracanes e inundaciones, albergan una diversidad de microorganismos que intervienen en la cadena trófica y en los ciclos biogeoquímicos. Los manglares del Ranchería están expuestos a diferentes tensores ambientales y antrópicos, lo que podría afectar la actividad de la biomasa microbiana de los mismos. Este trabajo estableció la actividad microbiana, determinado por la respiración de la biomasa microbiana del suelo de cuatro especies de manglar *Rhizophora mangle*, *Laguncularia racemosa*, *Avicennia germinan* y *Conocarpus erectus*, del delta; utilizando el método de absorción estática de CO₂ en álcali. Se analizaron parámetros fisicoquímicos a las muestras de suelo colectadas correlacionándolo con la actividad respiratoria de la biomasa y condiciones ambientales de la zona. Los mayores valores de CO₂ de manera decreciente fueron encontrados en suelo de *R. mangle* 85.1 mg/g, *A. germinan* 84.9 mg/g, *L. racemosa* 83.9 mg/g y *C. erectus*, 45.8 mg/g, respectivamente. La diferencia marcada en los valores de *C. erectus* está relacionada a la zonación presente en el manglar, la temperatura, el contenido hídrico, los nutrientes presentes y el desarrollo fenológico de las especies. La medición del CO₂ producido por la biomasa microbiana asociada al manglar se convirtió en una medida indirecta del proceso biodegradativo de carbono orgánico y una medida directa de la productividad de este ecosistema.

Universidad de La Guajira, Grupo de Investigación Biotecnología

32. DETERMINACIÓN DE UREASA EN SUELOS DE MANGLAR, DELTA DEL RIO RANCHERÍA, COLOMBIA (DETERMINATION OF UREASE SOIL MANGROVE RIVER DELTA RANCHERIA, COLOMBIA)

Pitre, Leanis¹, Rodríguez, Xiomara¹, Ramos, Yarima¹, Galvan, Deysis¹, ¹La Guajira, Facultad de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad de La Guajira.

El manglar del delta del Ranchería está expuesto a la presión de tensores ambientales y antrópicos; entre ellos se destacan periodos áridos prolongados, periodos considerables de inundaciones, mínimas precipitaciones y elevadas insolaciones; al igual que la deforestación, el pastoreo, etc., influenciando sobre las características morfológicas, fenológicas y distribución de las especies. Este trabajo determinó la actividad de la ureasa de los microorganismos del suelo de las especies de manglar *Rhizophora mangle*, *Laguncularia racemosa*, *Avicennia germinan* y *Conocarpus erectus*, del delta. Se tomaron muestras compuestas de suelo por especie a una profundidad de 20 cm. Se determinó la actividad de la enzima ureasa a través del método de (Tabatabai y Bremner, 1972) y se analizaron los parámetros fisicoquímicos tales como textura, pH, densidad, capacidad de intercambio catiónico etc, correlacionándolo con los niveles de actividad enzimática y condiciones ambientales. Los niveles de ureasa de manera descendiente fueron encontrados en suelo de *R. mangle*, *A. germinan*, *L. racemosa* y *C. erectus*, respectivamente. Se encontraron diferencias significativas en las características fisicoquímicas en el suelo del manglar *C. erectus* con respecto a las otras tres especies, corroborando los valores encontrados en la determinación de la actividad enzimática. Se concluye que las poblaciones microbianas muestran actividad enzimática adaptada funcionalmente a ambientes altamente inundables, sujetos a cambios drásticos debido a las dinámicas climáticas e hídricas propias del ecosistema.

Universidad de La Guajira, Grupo de Investigación Biotecnología.

33. ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA Y CITOTOXICIDAD DE COMPLEJOS DE METALES DE TRANSICIÓN CON LIGANTES CARBOHIDRATO (Antibacterial activity and cytotoxicity of transition metal complexes with carbohydrate ligands)

Corsini, G.¹, Wiese, G.¹, Rivas, E.¹, Parada, J.², Atria, A. M.², ¹Centro de Investigación Biomédica Universidad Autónoma de Chile. ²Departamento de Química Inorgánica y Analítica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

Desde hace algunos años, nuestro grupo de investigación ha centrado su interés en la química de coordinación de metales de transición, con ligantes que presentan átomos de oxígeno y/o nitrógeno dadores y su asociación con la actividad y/o modulación de procesos biológicos. En este trabajo presentamos el estudio de las propiedades antibacterianas y citotoxicidad de un grupo de complejos de metales de transición (Fe, Cu, Co, Cr) de fórmula general $[M(\text{Carbohidrato})_n]$, en donde Carbohidrato corresponde a lactosa, sacarosa o D-mananopiranososa respectivamente. La fórmula de estos complejos se propuso en base a estudios de dicroísmo circular, espectroscopía de absorción UV-Vis y ¹H-RMN en solución. La actividad antibacteriana de estos complejos se evaluó mediante ensayos en discos, empleando un panel de bacterias Gram negativo (*E. coli*, *Salmonella Enteritidis*, *K. pneumoniae* y *P. aeruginosa*) y un panel de bacterias Gram positivo (*E. faecalis*, *B. cereus*, *Micrococcus sp.*, *S. aureus*). Los resultados indicaron que los complejos con lactosa y sacarosa presentan actividad antibacteriana frente a las especies ensayadas. En cambio los complejos con derivados de piranososa no presenta actividad antibacteriana sobre ninguna de las cepas empleadas. Por otra parte, se determinó la concentración mínima inhibitoria y la citotoxicidad sobre células HEK293 de los complejos con actividad antibacteriana. También se evaluó su efecto sobre la cepa reportera *E. coli* HB101 empleando un método colorimétrico en placa. Los resultados indican que los complejos poseen una baja citotoxicidad y actúan mediante un efecto bacteriostático sobre la cepa reportera.

Proyecto FONDECYT 1120125. Dirección de Postgrado e Investigación, Universidad Autónoma de Chile.

34. ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA IN VITRO DE EXTRACTOS ACUOSOS DE POLEN APÍCOLA CHILENO (Antibacterial Activity In Vitro of Aqueous Extracts of Chilean Bee Pollen)

Montenegro, G.¹, Velásquez, P.², Rodríguez, K.¹, Retamal, M.³, Giordano, A.³, Grima, L.¹, ¹Ciencias Vegetales, Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Ingeniería Química y Bioprocesos, Ingeniería, Pontificia Universidad Católica de Chile. ³Química Inorgánica, Química, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by Gloria Montenegro Rizzardini)

La resistencia que presentan las bacterias a un tratamiento con antibióticos para curar una enfermedad genera un problema de salud importante. Por este motivo, es necesario buscar agentes antibacterianos alternativos, preferentemente de origen natural, como el polen apícola, que posee compuestos fenólicos con demostrada actividad antibacteriana. Los objetivos del presente trabajo fueron: i) identificar y cuantificar los ácidos fenólicos y flavonoides de extractos de polen apícola chilenos mediante cromatografía (HPLC-DAD); ii) determinar su actividad antimicrobiana *in vitro* mediante las pruebas de difusión en agar, mínima concentración inhibitoria y bactericida (no estudiadas en polen apícola chileno). Se estudiaron las bacterias *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pyogenes* y *Pseudomonas aeruginosa*. La actividad antimicrobiana varió según el tipo de bacteria evaluada, siendo la más difícil de inhibir *E. coli*. Esta actividad puede atribuirse a la presencia de ácidos fenólicos y flavonoides. Para comprender mejor el fenómeno antimicrobiano es necesario realizar estudios más detallados que permitan evaluar la importancia de ciertos compuestos presentes en los extractos

de polen apícola chilenos o la posible existencia de efectos sinérgicos entre éstos.

Fondecyt-1110808; Proyecto VRi-PUC interdisciplina 31/2014; CONICYT Beca Doctorado Nacional.

35. CARACTERIZACIÓN DE LA RESPUESTA SECRETORA DEL EPITELIO PULMONAR COLONIZADO POR *PNEUMOCYSTIS CARINII* EN UN MODELO DE INFECCIÓN PRIMARIA NATURALMENTE ADQUIRIDA DE RATAS INMUNOCOMPETENTES. (Secretory response characterization of lung epithelium colonized by *Pneumocystis carinii* in a naturally-acquired primary infection of immunocompetent murine model.)

Rojas, D.¹, Iturra, P.¹, Pérez, F.¹, Bustamante, R.¹, Ponce, C.¹, Vargas, S.¹, ¹ICBM, Programa Microbiología y Micología, Medicina, Universidad de Chile.

Pneumocystis es un hongo que infecta el tracto respiratorio de individuos de cualquier edad, generando cuadros graves de neumonía en inmunocomprometidos. La prevalencia de este hongo es alta en lactantes de 2-5 meses de vida, coincidiendo con la edad de mayor incidencia de muerte súbita y bronquiolitis del lactante. En adultos con tabaquismo se asocia a severidad de EPOC. Recientemente se ha correlacionado a *Pneumocystis* con aumento de moco en pulmones de infantes fallecidos sin causa aparente. Esta evidencia patológica en lactantes revela que este hongo también está dañando el pulmón del hospedero inmunocompetente. Sin embargo, los mecanismos activados que subyacen a estas alteraciones no han sido caracterizados. Para dilucidar los mecanismos moleculares activados durante la infección primaria de este hongo en el hospedero inmunocompetente se utilizaron ratas Sprague-Dawley contagiadas con *P. carinii* recién nacidas, mediante co-habitación con ratas con neumonía y no contagiadas. Se extrajeron muestras de tejido pulmonar en los días 45, 60 y 75 post-infección. Análisis histológicos mostraron hipersecreción de moco y regiones con inflamación peri-bronquial y vascular en individuos colonizados, siendo mucho mayor en el día 75. Se estudiaron algunos componentes proteicos del moco (mucinas) y se encontró que MUC5AC y MUC5B estaban incrementadas desde el día 60. Los niveles de mRNA de estas mucinas también estaban aumentados a partir del día 60. También se logró identificar un aumento en la transcripción de los genes pro-inflamatorios Mip-2 y TNF α , lo que se relaciona con lo observado por histología. Estos resultados muestran que la respuesta a *Pneumocystis* durante la infección primaria adquirida de forma natural es compleja comprometiendo diversas vías de inflamación, lo que requiere una caracterización más profunda.

FONDECYT 3140391 y 1140412.

36. LOCALIZACIÓN DEL CO-REPRESOR TRANSCRIPCIONAL SKI EN CROMOSOMAS MITÓTICOS DE FIBROBLASTOS EMBRIONARIOS DE RATÓN. (Localization of transcriptional co-repressor Ski in mitotic chromosomes of mouse embryonic fibroblast.)

Landeros, N.¹, Cappelli, C.¹, Sepúlveda, H.², Opazo, T.², Rivas, S.¹, Donoso, G.¹, Rivera, Alejandra¹, Pola, V.¹, Montecino, M.², Tapia, J.^{1,3}, Armisen, R.^{1,3}, Marcelain, K.^{1,3}, ¹Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad Medicina, Universidad de Chile. ²Centro de Investigaciones Biomédicas Universidad Andrés Bello. ³Centro de Investigación y Tratamiento del cáncer, Facultad Medicina, Universidad de Chile. (Sponsored by Katherine Marcelain)

Ski es un co-represor transcripcional que actúa reclutando a enzimas desacetilasas de histonas (HDACs) a los promotores de diversos genes blancos, reprimiendo su expresión.

Los niveles de esta proteína varían en el ciclo celular, siendo más altos en mitosis. En esta etapa se ha mostrado que la presencia de Ski es necesaria para que exista una correcta segregación de los cromosomas. Sin embargo, la función de esta proteína en este proceso no está dilucidada. Con el objetivo de definir el rol de Ski en la segregación cromosómica, se realizó un estudio detallado de la localización de esta proteína en los cromosomas mitóticos de fibroblastos embrionarios de ratón (MEFs). Mediante Inmunofluorescencia indirecta (IFI) se encontró que Ski está presente en un número limitado de cromosomas, en regiones cercanas al centrómero. Mediante Inmunoprecipitación de cromatina (ChIP), se confirmó que Ski ocupa las regiones pericentroméricas en cromosomas mitóticos (DNA Satélite Mayor, MaSat). Consecuente con la actividad co-represora de Ski, los MEFs knock out para este gen (Ski-/-) presentaron mayores niveles de acetilación de la Lisina 9 de la Histona H3 (H3K9ac) y menores niveles de trimetilación en ese residuo (H3K9me3), tanto a nivel global durante mitosis, como a nivel pericentromérico, comparado con las células que expresan Ski.

Considerando que H3K9me3 es una modificación necesaria para la formación de heterocromatina centromérica y correcta segregación cromosómica, actualmente se están realizando ensayos de IFI-FISH para identificar los cromosomas ocupados por Ski y definir si en su ausencia, estos cromosomas presentan fallas en su segregación mitótica.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1120222.

37. NUMEROSAS DUPLICACIONES EN TÁNDEM DE CHALCONA SINTASA (CHS) EN LEGUMINOSAS: UNA SOLUCIÓN DEFENSIVA. (Chalcone synthase (CHS) high tandem duplication in legume: a defensive solution.)

Zavala, K.¹, Opazo, J. C.¹, ¹Cs. Ambientales y Evolutivas, Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Las rosidas son un grupo monofilético de angiospermas que comprende aproximadamente 70.000 especies y 140 familias. Muchos cultivos importantes, como árboles frutales y leguminosas pertenecen a este grupo. En leguminosas, la acumulación de flavonoides derivados de la vía de los fenilpropanoides juega un rol fundamental en la defensa frente a infecciones por parte de patógenos. Así mismo, la enzima chalcona sintasa es clave ya que cataliza el primer paso de esta vía metabólica. Mediante la realización de análisis evolutivos, caracterizamos la organización y evolución de la familia de genes de chalcona sintasa en especies de rósidas para las cuales hay genomas disponibles. Nuestros resultados muestran que las distintas especies estudiadas tienen un repertorio de genes variable que va desde 1 gen en las especies *A. thaliana* y *A. lyrata* hasta 18 genes en la especie *M. truncatula*. Los análisis filogenéticos muestran la existencia de distintos linajes de genes que han sido retenidos diferencialmente. Además, es posible apreciar dinámicas linaje específicas que también contribuyen con la diferenciación en número de copia de genes. También observamos que dentro de las rósidas el clado de las leguminosas presenta una tasa inusualmente alta de duplicación en comparación al resto de las especies. Desde una perspectiva funcional una mayor tasa de duplicación de genes de chalcona sintasa podría estar relacionada a una adaptación ambiental de las leguminosas y su respuesta defensiva contra patógenos, dado el rol fundamental de esta enzima en la síntesis de flavonoides. Este trabajo fue financiado por el proyecto FONDECYT 1120032

38. DESCUBRIMIENTO DE SNPS EN GENES INVOLUCRADOS EN CRECIMIENTO COMO RESPUESTA A DIETA CON INCLUSIÓN DE ACEITE VEGETAL EN SALMÓN ATLÁNTICO UTILIZANDO mRNA-SEQ. (SNPs discovery in genes involved in growth as response to a plant oil-included diet in Atlantic salmon using mRNA-seq.)

Lam, N^{1,3}, Di Genova, A.², Rodríguez, G.², Araneda, C.¹, Ulloa, P.³, Cambiazo, V.⁴, Neira, R.¹, Maass, A.², Iturra, P.³, ¹Producción Animal, Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile. ²CMM, Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Chile. ³Programa de Genética Humana, Medicina, Universidad de Chile. ⁴Bioinformática y Expresión Génica, INTA, Universidad de Chile.

La industria salmonera mundial utilizará dietas con una importante proporción de proteínas y aceites vegetales, disminuyendo los costos de producción y haciendo esta actividad más sustentable. Se analizó el transcriptoma hepático en familias de salmón Atlántico sometidas a una dieta con aceite vegetal, con el objeto de: 1) identificar genes y vías metabólicas que subyacen a la respuesta en crecimiento y 2) investigar la presencia de variantes en estos genes. Se evaluó la respuesta a crecimiento de 35 familias alimentadas durante 60 días con dieta con 50% de aceite de raps (VO) y dieta control (FO). Se estimó el valor de cría (PBV) para ganancia de peso y se estableció un ranking familiar para cada dieta. Para la secuenciación del RNA, se seleccionaron dos familias que presentaron la mayor diferencia positiva en el ranking (+RPBV) y dos familias con la mayor diferencia negativa (-RPBV) en el ranking, con la dieta VO v/s la dieta FO. El 85% de las lecturas obtenidas mapearon al genoma de referencia de salmón del Atlántico ICSASG. Del total de transcritos 30K genes fueron seleccionados para anotación funcional obteniéndose 29K genes anotados. El análisis de expresión diferencial reveló 260 genes diferencialmente expresados (DE) entre familias +RPBV y -RPBV. El análisis de categorías GO enriquecidas reveló que se encuentran sobrerrepresentados los procesos biológicos relacionados con metabolismo de lípidos. Un total de 278.084 SNPs candidatos fueron identificados, de los cuales 76 SNPs se localizaron en 46 genes DE en las familias +RPBV y -RPBV. En este estudio se identificaron genes y vías metabólicas que responden diferencialmente según la dieta y genotipo. Estos resultados serán útiles en la selección de salmones Atlántico mejor adaptados a dietas ricas en aceites vegetales. CORFO-INNOVA 07CN13PBT-41, FONDAP CRG 150990007.

39. EVALUACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE miRNAs CONSERVADOS DURANTE ESTRÉS POR HIPOXIA EN SALMO SALAR. (Evaluation of the expression of miRNAs conserved during stress by hypoxia in Salmo salar)

Zavala, E.¹, Reyes, D.¹, Vidal, R.¹, ¹Laboratorio Ecología Molecular, Genómica y Estudios Evolutivos, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Los microARNs maduros son una clase de ARN evolutivamente conservados, de simple cadena y pequeños (19-23 nucleótidos). Estos no son codificantes y actúan como reguladores post-transcripcionales de la expresión de genes en un amplio rango taxonómico que incluye animales, plantas y virus. Se ha caracterizado que el efecto regulador que poseen estos miARN sobre su ARNm target juega un rol fundamental durante varias etapas del desarrollo de distintos seres vivos y por lo tanto el desarrollo de metodologías que permitan el seguimiento de la expresión de estos miARN es un área aun en desarrollo. La principal forma de cuantificar estos miARN es utilizar PCR de tiempo real. En una primera instancia hemos propuesto dos nuevos genes miARN normalizadores de qPCR permitiendo cuantificar estas pequeñas moléculas y normalizar su expresión bajo un gen de similares características y no con genes tradicionales de biogénesis y estructura distinta. En una segunda instancia desarrollamos un desafío de estrés por hipoxia y bajo nivel de agua, con la intención de cuantificar en paralelo genes candidatos relacionados con el estrés en salmónidos y además de 8 miRNAs que poseen una acción reguladora sobre estos genes candidatos predichos in silico. Nuestros resultados nos muestran una relación entre una disminución de la expresión de más de un ARNm target y un aumento en la expresión del miARN que posee actividad regulatoria sobre mas de un mensajero target, lo cual está predicho por el modelo

clásico de la actividad de estos microARN pero que nos confirma la idea de la utilización de estos miARN como potenciales marcadores de estrés, pudiendo ser detectados de manera mas rápida y económica en un futuro. Proyecto Innova CORFO 13IDL2-18416

40. ANALISIS *IN SILICO* DE miRNAs DE SALMON DEL ATLANTICO Y TRUCHA ARCOIRIS QUE REGULAN A VIRUS DE LA ANEMIA INFECCIOSA DEL SALMON (ISAV) (*In silico* Analysis of Atlantic Salmon and Rainbow Trout miRNAs targeting Infectious Salmon Anemia Virus)

Reyes, D¹., Zavala, E¹., Vidal, R¹., ¹Laboratorio Ecología Molecular, Genómica y Estudios Evolutivos, Facultad de Química Y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

miRNAs are small, non-coding RNA molecules that play an important role in the regulation of gene expression at a post-transcriptional level through inhibition of translation or degradation of the target mRNA. Given their importance the volume of information related to this small RNAs it's growing exponentially, but little is known about them in non-model species, such as salmonids like Atlantic salmon and Rainbow trout, both species of great economic interest. Infectious salmon anemia (ISA) is a viral disease that occurs naturally on Atlantic salmon causing high mortality rates. Although Atlantic salmon is the only species that develop clinical or pathological signs of the disease the virus can replicate on several related species such as rainbow trout, coho salmon y brown trout, convert them on important carriers or reservoirs of the virus. In this study we use the available Atlantic salmon and rainbow trout miRNAs and ISAV genome for identifying interactions between host miRNAs and viral RNA molecules and determinate the possible role of this interaction in the response of the host to the viral infection. One of the most important results of this study is that the most affected process of the viral cycle it's the replication of the viral RNA through the regulation of the transcripts corresponding to the viral replication complex, situation detected only in rainbow trout, which correlates with the resistance of this specie to ISAV.

Proyecto Innova CORFO 13IDL2-18416

41. CLONACIÓN Y SOBREEXPRESIÓN BACTERIANA DE PROTEÍNAS ACTIVADORAS DEL SISTEMA INMUNOLÓGICO DE PECES (Cloning and Bacterial Overexpression of Activating Immune System Proteins of Fish)

Cortinez, G^{1,2}., ¹Departamento de Recursos Naturales y Medio Ambiente Universidad de Los Lagos, Puerto Montt. ²ULAGOS Núcleo de Biotecnología.

El cultivo del salmón es un proceso muy intensivo, donde los peces son sometidos a una serie de condiciones muy estresantes, las cuales van mermando su capacidad para defenderse de patógenos. La respuesta inmune de los peces, al igual que la de los mamíferos, está regulada por proteínas pequeñas llamadas interleuquinas, las que son sintetizadas por las mismas células del sistema inmune. Sin embargo la somatotropina, proteína secretada por la hipófisis, también estimula y/o potencian la respuesta inmune de los peces (Sakai et al., 1996; Harris & Bird, 2000). La secreción de somatotropina es estimulada por GHrelina, un péptido de 19-28 aa (3,3 kDa) con una esterificación con ácido n-octanoico en la serina 3, cuya presencia no es esencial para su actividad biológica. La secuencia aminoacídica de la somatotropina, con un tamaño aproximado de 190 aa (22,8 kDa), es muy conservada entre distintas especies, por lo que existe actividad cruzada entre distintos animales. En este trabajo se muestra el diseño, síntesis y clonación de la somatotropina de *Salmo salar* y de 3 secuencias de Ghrelina (humano, anguila y goldfish con 28, 22 y 19 aa, respectivamente). Para permitir la sobreexpresión de las proteínas

ClearColi®BL21(DE3) bajo el control del promotor del fagoT7 e inducido por IPTG a partir de un plásmido de clonamiento, se incorporó en la construcción la secuencia RBS inmediatamente río arriba del codón de inicio en cada construcción.

Agradecimientos: Programa de Fomento de la Investigación ULAGOS INT20-2012 y proyecto núcleo ULAGOS NU02.

42. FACTORES GENÉTICOS MODIFICADORES DE LA SEVERIDAD DEL SÍNDROME CARDIOPULMONAR POR HANTAVIRUS

Valdivieso, F.¹²., Repetto, G.¹., Vial, P.¹²., Ferres, M.²., Mertz, G.³., Cuiza, A.¹²., Marco, C.¹²., Iturriaga, C.¹²., Espinoza, K.¹., Rivera, J. C.¹²., Leon, L.¹., Perez, R.¹²., Calvo, M.^{4,5}., Willhelm, J.¹²., Mansilla, R.⁶., Acuña, M.⁷., Ocampo, R.⁸., Perkins, D. J.³., Kempaiah, P.³., Hittner, J.⁹., Hjelle, B.¹⁰., Eyheramendy, S.¹¹., **Vial, C.¹².**, ¹Centro Genética y Genómica, Medicina, Universidad del Desarrollo. ²Departamento de Infectología e Inmunología Pediátrica, Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile. ³Internal Medicine, Medicine, University New Mexico. ⁴Instituto de Medicina, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile. ⁵Medicina Universidad Austral. ⁶Departamento de Control y Gestión SEREMI Salud Región de los Ríos. ⁷Departamento Salud Pública y Planificación Sanitaria SEREMI Salud Región de Aysen. ⁸Departamento de Medicina Interna Hospital Clínico Herminda Martín. ⁹Psychology College of Charleston. ¹⁰Pathology University New Mexico. ¹¹Departamento de Estadística Pontificia Universidad Católica de Chile. ¹²Programa Hantavirus, Medicina, Universidad del Desarrollo.

El síndrome cardiopulmonar por hantavirus (HCPS) es causado en Chile por la infección del hantavirus Andes. Es una enfermedad grave, con una letalidad del 36%. Clínicamente la infección se manifiesta en un rango que va desde pacientes asintomáticos hasta el que presenta un cuadro severo y rápidamente fatal. En otras infecciones virales, incluyendo aquellas por otros hantavirus se ha demostrado que la genética del hospedero puede ser un determinante importante en la severidad de las manifestaciones clínicas. En este estudio analizamos variantes genéticas asociadas al curso clínico de la enfermedad mediante un estudio de asociación de genoma completo (GWAS). Utilizamos el array SNP6.0 de Affymetrix® para genotipificar a estos pacientes y de este primer análisis encontramos una región en el cromosoma 7 que esta cerca de significancia estadística (p=4.9E-6). Para aumentar el poder del análisis realizamos dos aproximaciones computacionales. La primera aproximación fue un Gene Set Enrichment Analysis utilizando los valores de p de los SNPs y el programa GSEA. La segunda aproximación fue utilizando datos de redes de interacción proteína-proteína mediante análisis de dmGWAS. Como resultado obtuvimos asociación con vías de señalización relacionadas a inflamación y respuesta inmune entre otras. Estos resultados nos permitirán estudiar estas vías en más detalle y entender de esta forma la patogénesis del HCPS.

Financiado por Fondecyt #11110397

43. IDENTIFICACIÓN DE VARIANTES GENÉTICAS MODIFICADORAS EN PACIENTES EXPUESTOS A ARSÉNICO Y SU ASOCIACIÓN CON CÁNCER DE VEJIGA. (Identification Of Genetic Variations Modifiers In Patients Exposed To Arsenic And Its Association With Bladder Cancer.)

Espinoza, K.¹, Vial, C.¹, Chaparro, E.², Valdebenito, P.², Repetto, G.², Fernández, M.³, ¹Centro de Genética y Genómica, Medicina, Universidad del Desarrollo. ²Urología Hospital Regional de Antofagasta. ³Urología Clínica Alemana.

Introducción: La población de Antofagasta fue expuesta entre 1958 y 1971 a altos niveles de arsénico (17 veces más que la recomendación de la OMS). Además la incidencia del cáncer de vejiga (CV) es actualmente de 4 a 5 veces mayor en comparación al resto del país (24,8 / 100.000 frente a 6/100 000) y actualmente se desconocen los mecanismos de carcinogénesis asociados a arsénico. **Objetivo:** Identificar variantes genéticas modificadoras asociadas a CV en pacientes expuestos a arsénico. **Método:** Se enrolaron pacientes con CV y pacientes controles sanos expuestos a arsénico con previa aprobación del comité de Bioética. Se realizó un estudio de asociación del genoma completo (GWAS), utilizando el array Affymetrix® v.SNP 6.0. Los datos se analizaron con PLINK v1.07, usando el test de Fisher para evaluar asociación y un análisis de estratificación de población con el método de escalamiento multidimensional. Ésta información fue utilizada para realizar la asociación con el test Cochran-Mantel-Haenszel. **Resultados:** Se identificó la variante rs4838646 localizada en el cromosoma 10 (p = 3.8E-06), SNP ubicado en el gen *WDFY4*, que codifica para una proteína con función desconocida y se expresa en tejidos inmunes primarios y secundarios. Además, rs4838646 se encuentra 716 kb río abajo de *ERCC6*, gen involucrado en la reparación del DNA. Estudios previos han relacionado esta región a la susceptibilidad a CV. Esto sugiere que en la población de Antofagasta esta región podría estar involucrada.

Fondecyt Regular 1120987

BIOLOGIA CELULAR - NEUROFISIOLOGIA - INMUNOLOGÍA

44. EVALUACIÓN DE LA CAPACIDAD DE INTEGRACIÓN EN LA RETINA Y DIFERENCIACIÓN DE CÉLULAS TRONCALES MESENQUIMÁTICAS INYECTADAS INTRAVITREAMENTE A RATONES DIABÉTICOS (Evaluation of the retinal integration and differentiation capacity of mesenchymal stem cells intravitreally injected into diabetic mice)

Leal, K.¹, Montecino, S.¹, Urzua, C.², Ezquer, M.¹, Conget, P.¹, Ezquer, F.¹, ¹Centro de Medicina Regenerativa, Facultad de Medicina Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo. ²Departamento de Oftalmología, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. (Sponsored by Gabriela Repetto)

La retinopatía diabética, es la complicación más común en pacientes diabéticos y la principal causa de ceguera en países desarrollados. Los primeros síntomas se relacionan a la reducción del campo visual asociado a la muerte de células neuronales y perivasculares de la retina. Se ha postulado que la administración de células troncales mesenquimáticas (MSC) podría ser una alternativa terapéutica dada su capacidad de diferenciación hacia linajes neuronales y perivasculares. Previamente demostramos que la administración intravítrea de MSC a ratones diabéticos previene la pérdida de neuronas y pericitos en la retina, retardando el desarrollo de la enfermedad. En este trabajo evaluamos si este efecto terapéutico se debe a que las MSC administradas se integran en la retina y reemplazan a las células muertas. Para ello, aislamos MSC de animales transgénicos GFP+ para permitir el seguimiento de las células. Doce semanas después de la inducción de diabetes, los animales recibieron una administración intravítrea de 2×10^5 MSC^{GFP} y se evaluó a los 7, 30, 60 y 90 días post-administración la presencia de las células en el ojo por citometría y la integración en la retina y posterior diferenciación a células neurales o perivasculares mediante inmunofluorescencia. Observamos una reducción progresiva en el número de MSC^{GFP} en el tiempo, siendo aún detectables 90 días después de su administración. En la mayoría de los casos las MSC^{GFP} administradas se mantuvieron en el vítreo, sin integrarse a la retina y sin diferenciarse a los linajes estudiados. Estos datos sugieren que la diferenciación hacia linajes neuronales o perivasculares no es el principal mecanismo responsable del efecto terapéutico observado.

Proyecto FONDECYT 1130470 a Fernando Ezquer

45. LA SOBREEXPRESIÓN DE SKI AUMENTA LA MUERTE DE CÉLULAS DE ADENOCARCINOMA MAMARIO, MCF-7, INDUCIDA POR DOCETAXEL Y EL INHIBIDOR DE LA QUINASA AURORA A, ALISERTIB. (Overexpression of Ski increases Docetaxel and Aurora A Kinase Inhibitor (Alisertib)-induced cell death of human breast adenocarcinoma cell line, MCF-7.)

Diez, D.¹, Armisen, R.^{2,3}, Marcelain, K.^{1,2}, ¹Programa de Genética Humana, ICBM, Medicina, Universidad de Chile. ²Centro de Investigación y Tratamiento del Cáncer, Medicina, Universidad de Chile. ³Programa de Fisiopatología, ICBM, Medicina, Universidad de Chile.

Docetaxel es un agente utilizado para el tratamiento del cáncer de mama en etapa avanzado. Docetaxel inhibe la división celular e induce la muerte por catástrofe mitótica. Por otro lado, Alisertib es una molécula inhibidora de la quinasa Aurora-A (AURKA). La sobreexpresión de AURKA se ha detectado en un 94% en adenocarcinoma ductal invasivo de mama, lo que la hace un blanco terapéutico para este tipo de tumor. Recientemente, se identificó que la proteína Ski es fosforilada por AURKA. Esta proteína es necesaria para una correcta segregación de los cromosomas y su sobreexpresión, al igual que docetaxel, produce catástrofe mitótica. En este

trabajo se evaluó el efecto de la sobreexpresión de Ski sobre la sensibilidad de células de adenocarcinoma mamario (MCF-7) expuestas a Docetaxel y/o Alisertib. Para esto, se evaluó viabilidad celular mediante el ensayo MTT (3- (4,5-dimethylthiazol-2-yl) -2,5- diphenyltetrazolium bromide, MTT), catástrofe mitótica, mediante microscopía; y apoptosis y ciclo celular, mediante citometría de flujo. Se encontró que la sobreexpresión de Ski en células MCF-7 (MCF7-Ski), potenció significativamente los efectos de ambos antineoplásicos aplicados en forma individual o en combinación, a partir de una concentración de 25nM para Docetaxel y 0.5 μ M para Alisertib, comparado con las células controles (MCF7-GFP). Estos resultados sugieren que la manipulación de los niveles de Ski podría afectar la efectividad de los agentes terapéuticos aquí analizados. A su vez, los niveles de esta proteína podrían dirigir las dosis a administrar de estos agentes, disminuyendo así, los efectos secundarios indeseados de estas terapias en pacientes con cáncer de mama.

Fondecyt:1120222

46. EL ROL DE P53 EN LA REGULACION DEL PROCESO DE AUTOFAGIA EN CELULAS CYCLIN D1^{KE/KE} (The role of p53 activity in the regulation of autophagy in cyclin D1^{KE/KE} cells)

Valenzuela, C.², Hinds, P.¹, Brown, N.², ¹Sackler Graduate School Tufts University, Boston. ²Escuela de Medicina Universidad de Talca.

Overexpression of cyclin D1 is one of the most consistent signatures of breast cancer. Cyclin D1-mediated activation of cyclin-dependent kinases 4 and 6 (Cdk4/6) is believed to endow mammary epithelial cells with a proliferative advantage by virtue of its contribution to the phosphorylation of the retinoblastoma protein (pRB). Accordingly, mice carrying a kinase-deficient version of cyclin D1 (cyclin D1^{KE/KE} mice) are resistant to the development of mammary tumors initiated by *ERBB2*. Importantly, mammary tissues derived from these mice also display signs of *increased autophagy* and *reduced ERBB2-induced senescence*, processes that were also accompanied by signs of p53 and Wnt activation. In addition, immortalized cyclin D1^{KE/KE} mammary epithelial cells retain high rates of autophagy and signs of p53 activation. Highlighting the functional relationship between p53 activity, autophagy and senescence in cells with reduced cyclin D1 activity, p53 activation in these cells was also accompanied by a reduction in the activity of mTORC1, an important regulator of metabolism and autophagy. Conversely, transduction of a dominant-negative form of p53 (DNp53) led to a reduction of the autophagy and partial normalization of mTORC1 activity. Interestingly, transduction of DNp53 was sufficient to render cyclin D1^{KE/KE} cells susceptible to *ERBB2/NEU*-mediated transformation. In summary, while p53-mediated autophagy is favored under basal conditions, blockade of this process "turns on" a senescence program that also depends on p53. Failure to orchestrate this transition due to inactivation of p53 likely contributes to the gained susceptibility to *ERBB2/NEU*-mediated transformation.

Fondecyt regular #1140389

47. CARACTERIZACIÓN DE LA INTERACCIÓN DE RRN7 CON LOS FACTORES TRANSCRIPCIONALES TF_B Y TBP EN PROMOTORES QUE CONTIENEN LA CAJA HOMOLD EN *SCHIZOSACCHAROMYCES POMBE* (Characterization of the interaction between Rrn7 and the transcriptional factors TF_B and TBP in Homold box containing promoters of *Schizosaccharomyces pombe*)

Montes, M.¹, Moreira-Ramos, S.¹, Maldonado, E.¹, ¹Laboratorio de Transcripción en Eucariontes, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

La caja Homold es un elemento del promotor mínimo que se encuentra en un promotor TATA-less de secuencia consenso CAGTCACA, descubierto en *Schizosaccharomyces pombe*, y que es capaz de reclutar la RNAP II e

iniciar la transcripción. Estudios de nuestro laboratorio indicaron que para iniciar la transcripción desde estos promotores se necesita de algunos GTFs como TF_D y TF_B entre otros, y se determinó a Rrn7 como el factor transcripcional que se une a este elemento. Por otro lado, resultados recientes de nuestro laboratorio muestran que Rrn7 interacciona con algunos de estos GTFs, particularmente con TF_B y TBP (miembro del complejo TF_D), lo que podría ayudar a Rrn7 a unirse a la caja Homold y dirigir la transcripción. En este trabajo mediante ensayos en geles de retardo (EMSA) y ensayos de inmunoprecipitación de cromatina se estudió la participación de los factores TF_B y TBP, como miembros candidatos del complejo de pre-iniciación formado sobre la caja Homold. Los EMSA mostraron una intensificación de la banda representativa al complejo Rrn7-caja Homold al incubar cada factor (TF_B o TBP) junto a Rrn7. Los ensayos de ChIP, por su parte, mostraron amplificación del DNA representativo a la caja Homold, al precipitar cada factor, reflejando la presencia de éstos en la región promotora. Ambos experimentos sugieren fuertemente que tanto TBP como TF_B forman parte del complejo de pre-iniciación sobre la caja Homold.

48. CONSUMO DE DIETA RICA EN GRASAS SUPRIME DEPRESIÓN DE LARGO PLAZO EN EL NÚCLEO ACCUMBENS, EVOCADA DESDE LA CORTEZA PREFRONTAL.

Ramírez, P.¹, Reyes, A.¹, Hernández, A.¹, Burgos, H.², Constandil, L.¹, Sáez-Briones, P.³, Morgan, C.⁴, ¹Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. ²Escuela de Psicología, Facultad de Humanidades, Universidad de Santiago de Chile. ³Escuela de Medicina, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad de Santiago de Chile. ⁴Unidad de Nutrición Humana, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile. (Sponsored by Alejandro Hernández Kunstmann)

Investigando las bases neurales de la preferencia por dieta rica en grasas (HFD), encontramos que esta se expresa en ratones Swiss CD1 jóvenes, después de dos semanas de ingesta de HFD y que se puede prevenir inyectando inhibidores de receptores de NMDA (ketamina, MK-801 e Ifenprodilo), sistémicamente. En el presente estudio, detectamos que una depresión de largo plazo en el *core* del núcleo accumbens (NAcc), evocada desde la corteza prefrontal (CPF), *in vivo*, es suprimida tras la ingesta de HFD. Consistentemente, la expresión de DFosB, un marcador de actividad neuronal, fue mayor en la CPF y menor en el NAcc en animales alimentados con dieta regular en comparación a los animales alimentados con HFD. Los parámetros electrofisiológicos e histológicos mencionados correlacionaron con la preferencia por HFD y fueron restaurados con inyección de ketamina. La pérdida del control cortical sobre la actividad del NAcc se ha observado en modelos de recaída en drogas de abuso y, respalda las propiedades adictivas de HFD.

FONDECYT #1120952 (LC; AH); DICYT #0214015B (SB).

49. ESTIMULACIÓN ELÉCTRICA SUBCUTÁNEA DE ALTA FRECUENCIA INDUCE HIPERALGESIA Y FACILITACIÓN SINÁPTICA ESPINAL MEDIADA POR BDNF (An electrical high frequency subcutaneous stimulation leads to BDNF-dependent hyperalgesia and synaptic facilitation)

Reyes, A.¹, Bravo, D.¹, Retamal, J.¹, Pelissier, T.², Hernández, A.¹, Constandil, L.¹, ¹Laboratorio de Neurobiología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. ²Programa de Farmacología Molecular y Clínica, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. (Sponsored by Alejandro Hernández Kunstmann)

Los procesos neurobiológicos asociados a la mantención del dolor crónico han sido extensamente estudiados, sin embargo, aquellos involucrados

en su inicio son menos conocidos, debido a que los modelos animales de dolor demoran 7 días en establecerse. Para estudiar los mecanismos que gatillan el dolor crónico, desarrollamos un modelo de estimulación eléctrica subcutánea de alta frecuencia (ESAF), el cual después de 2 horas genera hiperalgesia que se mantiene por 20 días, sin producir ninguna lesión. Estudiamos los cambios electrofisiológicos y la participación del receptor de BDNF en la transmisión sináptica a nivel espinal mediante el reflejo C en la rata. Los resultados mostraron que la estimulación ESAF aumenta el reflejo C en un 158% a las 2 horas post-estimulación, recuperando valores basales a los 7 días, mientras que los animales permanecen hiperalgésicos. Esta facilitación sináptica espinal se previno cuando se administró ciclotraxina-B, 10mg/100µL i.p., 90 minutos antes de la estimulación ESAF. Estos datos sugieren que el dolor crónico se inicia con una facilitación sináptica mediada por los receptores de BDNF. FONDECYT-1120952 y CEDENNA-FB0807

50. INCREMENTO DE LTP *IN VIVO* INDUCIDO POR METILFENIDATO EN CORTEZA PREFRONTAL (Increase of LTP *in vivo* induced by methylphenidate in the prefrontal cortex)

Burgos, H.^{1,2}, Agurto, R.³, Cofré, C.⁴, Hernández, A.⁵, Morales, B.⁶, Sáez-Briones, P.⁷, Zeise, M.⁴, ¹Laboratorio de Biopsicología, Facultad de Humanidades, Universidad de Santiago de Chile. ²Escuela de Psicología, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad Central de Chile. ³Psicología, Facultad de Ciencias Jurídicas y Sociales, Universidad Autónoma de Chile. ⁴Psicología, Facultad de Humanidades, Universidad de Santiago de Chile. ⁵Laboratorio de Neurobiología Dpto. de Biología, Facultad de Química Biología, Universidad de Santiago de Chile. ⁶Laboratorio de Neurociencias Dpto. de Biología, Facultad de Química Biología, Universidad de Santiago de Chile. ⁷Laboratorio de Farmacología de la Conducta, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad de Santiago de Chile. (Sponsored by Marc Leander Zeise)

Metilfenidato es una sustancia psicoactiva, de amplia prescripción médica para personas con déficit atencional con hiperactividad. La evidencia es contradictoria respecto a sus efectos en la cognición, pero prevalece un efecto beneficioso en bajas dosis. Ha sido evidenciada su acción a nivel dopaminérgico y noradrenérgico. No obstante, escasos estudios muestran una relación entre la conducta y su correlato en la fisiología de la corteza frontal *in vivo*. Dos grupos de ratas fueron entrenados en el laberinto radial octogonal de Olton, con metilfenidato (1,0 y 5,0 mg/kg/ i.p. crónico, 15 días), además de un grupo control salino y otro grupo entrenado sin fármaco. Luego, fue aplicado un protocolo de inducción de LTP *in vivo* en corteza prefrontal dos semanas después de la última administración del fármaco y de entrenamiento. Los resultados muestran diferencias significativas de los grupos entrenados con metilfenidato, respecto al control. Ello es coincidente con el desempeño de ratas 1 mg/Kg en *Olton maze*. Es discutido el efecto metaplástico posterior de metilfenidato, pese a la suspensión de ambos protocolos, en laberinto y de administración del fármaco.

FONDECYT 1120580 (BM); 1120952 (AH); DICYT 021401SB (PSB); 020993Z (MZ)

51. EXPRESIÓN DE LA ÓXIDO NÍTRICO SINTASA DURANTE LA MORFOGÉNESIS DEL NEOCORTEX HUMANO (Nitric oxide synthase expression during the human neocortex morphogenesis)

Sulz, L.¹, Pereda, J.¹, ¹Escuela de Medicina, Ciencias Médicas, Universidad de Santiago de Chile.

Los eventos morfogenéticos del desarrollo temprano del neocortex humano son poco conocidos. El óxido nítrico (NO), un segundo mensajero producido por la enzima óxido nítrico sintasa (NOS), ha sido involucrado en la formación del tubo neural, cuyos efectos varían dependiendo de la edad gestacional y la isoforma que lo produce. Con el fin de estudiar la expresión y distribución de las isoformas de la NOS, muestras neocortex entre la semanas 5 y 13 post fecundación (spf), pertenecientes a la colección de embriofetología de la Universidad de Santiago de Chile fueron procesadas para histología e inmunohistoquímica. En la semana 5 el neuroepitelio del neopallio se observa como un epitelio pseudoestratificado, sin mayor desarrollo de las capas corticales. En la zona subependimaria, se distinguen figuras mitóticas en las células adyacentes a la lámina basal. Durante la 6 spf se desarrollan la zona intermedia y la zona marginal, mientras que a las 13 spf se observan al menos 3 capas corticales. En el neuroepitelio, se observó la expresión las tres isoformas de la NOS en las 3 edades gestacionales estudiadas: la eNOS se expresa en neuroblastos, células endoteliales y eritroblastos, mientras que la iNOS y la nNOS se observan en los neuroblastos y en la zona subependimaria. Estos resultados estarían indicando que el NO podría estar involucrado en el desarrollo temprano de la corteza cerebral humana.

Financiado por DICYT 021391SE

52. CARACTERIZACIÓN DE LAS PROTEÍNAS DEL GRUPO POLYCOMB (PcG) DURANTE LA SENESCENCIA EN NEURONAS HIPOCAMPALES (Characterization Of Polycomb Group Proteins (Pcg) During Senescence In Hippocampal Neurons)

Henríquez, B.¹, Vázquez, M. C.¹, Van Zundert, B.², Reyes, L.¹, ¹Facultad de Ciencia Universidad San Sebastián. ²Centro de Investigaciones Biomédicas Universidad Andrés Bello. (Sponsored by María José Parra)

La senescencia es una forma especializada de diferenciación celular terminal inducida por variedad de estímulos, descrita y caracterizada en células capaces de dividirse y que requiere de la activación de genes como p16^{INK4a}, p21^{CIP} y p14^{ARF}. Recientemente se ha descrito la participación de proteínas PcG en la represión transcripcional de los genes asociados a senescencia. Las proteínas Polycomb (PcG) son reguladores epigenéticos contenidos en dos sub-complejos PRC1 y PRC2. PRC2 contempla las subunidades catalíticas Ezh1 o Ezh2, junto con Eed y Suz12, sin embargo su rol en células sin división y que se encuentran en estados post-mitóticos irreversibles como las neuronas, aún no ha sido descrito. En este trabajo analizamos los niveles de expresión de proteínas PcG y genes asociados a senescencia en tejido hipocampal de rata. Nuestros resultados muestran que Ezh1 y Suz12 son expresadas durante el desarrollo temprano hipocampal y mantienen su expresión durante la maduración neuronal y en estados tardíos del desarrollo, mientras que Ezh2 es expresada sólo en estado embrionario. Además, el ARNm de p16^{INK4a} no se detectó en ninguno de los estados del desarrollo hipocampal analizados. Nuestros resultados nos permiten postular que en neuronas jóvenes los genes asociados al proceso de senescencia se encontrarían reprimidos transcripcionalmente por el complejo PRC2-Ezh2, mientras que en neuronas envejecidas, este estado sería mantenido por el complejo PRC2-Ezh1.

FONDECYT 11130584 (B.H.), FONDECYT 11130667 (MCV), FONDECYT 1101012 (BvZ), PROYECTO 2012-0004-R (LR).

53. EXPRESIÓN Y SECRECIÓN DE LA PROTEÍNA TAX DESDE LINFOCITOS INFECTADOS CON HTLV-1 (Tax protein expression and secretion from HTLV-1 infected lymphocytes)

Medina, F.¹, Quintremil, S.¹, Alberti, C.¹, Godoy, F.¹, Barriga, A.¹, Puente, J.¹, Cartier, L.², Ramírez, E.³, Valenzuela, M. A.¹, ¹Bioquímica y Biología Molecular, Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. ²Ciencias Neurológicas, Medicina, Universidad de Chile. ³Programa de Virología, Medicina, Universidad de Chile.

El virus linfotrópico humano tipo 1 (HTLV-1) es el agente etiológico de la Mielopatía Asociada al HTLV-1/Paraparesia Espástica Tropical (HAM/TSP), enfermedad neurodegenerativa de la cual los mecanismos patogénicos han sido relacionados con la expresión y secreción de la proteína viral Tax desde linfocitos infectados con HTLV-1. Mediante western blot evaluamos la secreción de Tax ubiquitinada desde cultivos de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) y su presencia en plasma tanto de pacientes HAM/TSP como de portadores asintomáticos del HTLV-1. La carga proviral y el mRNA tax codificante se cuantificaron mediante PCR y RT-PCR en tiempo real, mientras la población CD4(+)Tax(+) mediante citometría de flujo. El porcentaje de linfocitos CD4(+)CD25(+)Tax+, la carga proviral, el mRNA, Tax en suero y secretada desde PBMCs son significativamente mayores en pacientes que en portadores asintomáticos, no encontrándose correlación entre la población CD4(+)CD25(+)Tax+, Tax plasmática o secretada desde PBMCs, con la carga proviral o de mRNA. Adicionalmente, Tax inmunoprecipitada desde plasma de pacientes muestra dos bandas (57 y 48 kDa) de las cuales por espectrometría de masas se identifican péptidos de Tax y Ubiquitina. Estos análisis indican que la proteína Tax ubiquitinada presente tanto en plasma como secretada desde PBMCs de individuos infectados con HTLV-1 podría servir como biomarcador para distinguir entre pacientes y portadores asintomáticos.

Proyecto Fondecyt 108-0396

54. CÉLULAS MADRE MESENQUIMALES (MSCS) DEFICIENTES EN IL17RA PIERDEN SU CAPACIDAD INMUNOSUPRESORA. EVALUACIÓN IN VITRO E IN VIVO EN UN MODELO DE ENCEFALITIS AUTOINMUNE EXPERIMENTAL (EAE). Mesenchymal Stem Cells deficient in IL17RA lose their immunosuppressive capacity in vitro and in vivo evaluation on experimental autoimmune encephalomyelitis (EAE)

Kurte, M.¹, Luz-Crawford, Patricia², Vega-Letter, Ana María¹, Fernández, Catalina¹, Djouad, Farida², Carrión, Flavio¹, ¹Laboratorio de Inmunología, Facultad de Medicina, Universidad de los Andes. ²INSERM U488 Montpellier, France. (Sponsored by Carlos Irazzával Muñoz)

Mesenchymal Stem Cells (MSCs) have potent immunosuppressive properties and have been proposed as a new therapy for autoimmune diseases. MSCs are not spontaneously immunosuppressive, MSCs require a "licensing" step provided by inflammatory molecules, like IFN- γ , TNF- α and IL-1 β . We propose that IL-17, also has a role in this "licensing" step. In vitro experiments in our laboratory showed that MSCs stimulated with recombinant IL-17, as well as supernatants derived from differentiated Th17 cells, are capable to express immunosuppressive molecules such as NO, TGF- β and COX-2. We observed, IL17RA is involved in the suppressive effect of MSCs on the differentiation of Th17 cells. We observed that the co-culture of CD4+T cells, differentiated to Th17 in the presence of MSCs-IL17ra siRNA, lost the ability to inhibit Th17 differentiation. Moreover, we observe MSC_{IL17RA} KO, partially lost their immunosuppressive capacity on lymphocyte proliferation. In vivo evaluation of MSC_{IL17RA} KO was performed on Experimental Autoimmune Encephalomyelitis (EAE). We observed that MSCs wild type (0.5x10⁶), injection at day5 significantly decreased the clinical score of EAE, surprisingly, MSC_{IL17RA} KO (0.5x10⁶) not only lost its immunosuppressive capacity, surprising, its worsened the clinical signs of the disease, probably due MSC_{IL17RA} KO lose the ability to induce Treg. FONDECYT 1130444

55. MODULACIÓN DIFERENCIAL DE RECEPTORES DE HOMING EN CÉLULAS TREG POLICLONALES HUMANAS GENERADAS EX VIVO (Differential Modulation of Homing Receptors in Polyclonal Human Treg Generated Ex Vivo)

Candia, E., Covian, C.¹, Rodríguez, F.¹, Wainstein, N.¹, Morales, J.², Roseblatt, M.^{1,3,4}, Fierro, A.^{1,3,4}, ¹Departamento de Ciencias, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello. ²Departamento de Medicina Interna Clínica las Condes. ³Departamento de Inmunología Celular y Molecular Fundación Ciencia Vida. ⁴Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Introduction: Adoptive transfer of regulatory T cells (Tregs) represents a promising strategy to modulate autoimmune diseases as well as bone marrow and organ transplantation. Studies performed in mice and humans have shown the feasibility of generating Treg ex vivo from naive T cells (nT) in the presence of IL-2/TGF β , all-trans retinoic acid (ATRA) and rapamycin (RAPA). This study reports the differential expression of homing receptors on polyclonal human Treg generated ex vivo in the presence of ATRA $\pm$ RAPA.

Material and Methods: Naive T cells (nT) cells were isolated from healthy volunteers. The isolated nT cells were polyclonally stimulated and cultured in the presence of IL-2 and TGF β for 5 days. RAPA $\pm$ ATRA were added at different concentrations during this period. Finally, the induced Tregs were characterized by flow cytometry.

Results: ATRA enhanced the expression β 7 and decreases the expression of CD62L, whereas the expression of CXCR4 is increased by RAPA. Moreover, RAPA remains in a greater degree the naive phenotype in the generated Tregs in comparison to ATRA.

Discussion: ATRA and RAPA contributes to the differential expression of homing receptors on Treg generated ex vivo. These results open the possibility of modulating the homing attributes of Treg generated ex vivo and therefore manufacturing Treg with different potential applications. Fondecyt regular 1120731 and Clínica Las Condes

56. ESTUDIO DE LA RELACIÓN SEMAFORINA-4D/TAX EN CÉLULAS MONONUCLEARES DE PACIENTES HAM/TSP (Study Of Semaphorin-4d/Tax Relation In Mononuclear Cells From Ham/Tsp Patients)

Hernando, C.¹, Quintremil, S.¹, Alberti, C.¹, Puente, J.¹, Ramírez, E.², Cartier, L.³, Valenzuela, M. A.¹, ¹Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. ²Departamento de Virología, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ³Departamento de Ciencias Neurológicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

El HTLV-1 (virus linfotrópico humano tipo-1) es un retrovirus causante de la Mielopatía Asociada al HTLV-1/Paraparesia Espástica Tropical (HAM/TSP), una enfermedad neurodegenerativa progresiva que daña los haces corticoespinales. Resultados del laboratorio, usando las líneas neuronales, apuntan a un rol central tanto de la proteína viral Tax como de la proteína celular Semaforina-4D en la disminución del largo neurítico. En los presentes resultados se muestran las semejanzas respecto a expresión de proteínas entre la línea linfocitaria infectada MT-2 (usada en nuestro modelo *in vitro*) y células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) de pacientes HAM/TSP. También se muestra que Tax afecta la proteólisis desde la membrana de Semaforina-4D afectando los niveles de Semaforina-4D soluble pudiendo esta última participar en la patología mediante su receptor Plexina, dado su rol como guía axonal negativa. La proteólisis de Semaforina-4D es realizada por MT1-MMP, cuyos niveles están aumentados (detectado por Western-blot). Igualmente, estudios de migración linfocitaria muestran un aumento en la migración de linfocitos-T CD4+ (principal reservorio del virus) de pacientes HAM/TSP en respuesta al efecto quimioattractante que Semaforina-4D tiene en linfocitos. Proyecto Fondecyt 108-0396

57. GAD-67 AND GAD-65 CO-EXPRESSION IN MURINE MESENCHYMAL STEM CELLS INCREASES THEIR IMMUNOSUPPRESSIVE PROPERTIES *IN VITRO*

Urrutia, M.^{1,2}, Vásquez, M.¹, Rojas, P.¹, Rubilar, G.¹, González, M.¹, Vilches, R.¹, Figueroa, F.¹, Rojas, P.², Fuentealba, R.², ¹Laboratorio de Inmunología Celular y Molecular, Facultad de Medicina, Universidad de los Andes. ²Laboratorio de Neurociencias, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. (Sponsored by Carlos Ernesto Irrazábal Muñoz)

It has been previously shown that the γ -aminobutyric acid (GABA) neurotransmitter is a potent anti-inflammatory molecule that inhibits: **(1)** T-cell proliferation *in vitro*, **(2)** the secretion of pro-inflammatory cytokines by activated macrophages, and **(3)** antigen presenting cells function. GABA is synthesized from glutamic acid by glutamic acid decarboxylase (GAD). In mammals, there are two isoforms, GAD-67 and GAD-65, which differ in molecular weight, subcellular localization and cofactor requirements. Mesenchymal Stem Cells (MSC) are multipotent cells that show strong immunosuppressive properties after inflammatory environment sensing. Our previous results demonstrate that IFN- γ and IL-1 β pro-inflammatory cytokines selectively increase GAD-67 mRNA and protein levels, and enhances MSC immunosuppression activity *in vitro*. We hypothesize that GABA synthesis is an effector mechanism for MSC-mediated immunosuppression. Here, we analyzed the effect of GAD-67 and GAD-65 overexpression in the immunosuppressive properties of murine MSC. We prepared GAD constructs, established an electroporation protocol for MSC transfection, and measured CD4+ T-cell proliferation in co-culture experiments with transfected MSCs to assess immunosuppression. Only co-expression of GAD-67 and GAD-65 increased the immunosuppressive properties of MSC. Our results demonstrate that GAD overexpression increases MSC-mediated immunosuppression, and suggest an important role for GAD-65 in this activity. GABA secretion through GAD-67/GAD-65 overexpression might be useful to modulate immunosuppressive properties of MSC.

FONDECYT#1130482 and FAI #INOGTO2012 49MED312

58. EVALUACIÓN Y ESTANDARIZACIÓN DE MARCADORES GÉNICOS DE INMUNIDAD ANTIVIRAL DE TRUCHA ARCOÍRIS (*ONCORHYNCHUS MYKISS*) (Evaluation and standardization of gene markers in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) for antiviral immunity)

Jara, R.^{4,1,2}, González-Stegmaier, R.^{4,1}, Cartes, C.⁴, Monrás, M.⁴, Figueroa, J.^{2,1}, Molina, A.^{3,1}, Romero, A.^{4,1}, ¹Interdisciplinary Center for Aquaculture Research, Chile, Centro FONDAP. ²Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. ³Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Andrés Bello. ⁴Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile

Nuestro estudio está dirigido a la evaluación de la expresión de marcadores de respuesta antiviral en trucha arcoíris expuestas al virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV). Para ello, se utilizaron partidores para la amplificación por RT-qPCR del mRNA de IFN-I, IFN-II, Mx1, MHC-I y MHC-II, CD4 y CD8. La estandarización de estos partidores se realizó con RNA total de truchas infectadas con IPNV, donde cada reacción originó un producto específico, analizado por curvas de *melting* y secuenciación. Asimismo, la eficiencia fue calculada utilizando una curva estándar, obteniéndose rangos de eficiencia de 80% a 94%. El análisis de la expresión del mRNA de IFN-I fue confirmado en células SHK-1 incubadas con polyI:C 25 μ g/ μ L, observándose un aumento significativo de la expresión a las 2, 4, 6 y 48 horas post-tratamiento. Asimismo, *in vivo* se observó el aumento de 15 veces de la expresión de IFN-I en truchas infectadas con IPNV a los 4 y 14 días post-infección. Actualmente, estamos analizando la expresión diferencial del mRNA de los otros marcadores de respuesta antiviral, en cultivo primario de riñón anterior de trucha infectados con dos cepas de IPNV de distinta virulencia.

FONDAP 15110027.

59. IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE DOS ISOFORMAS DEL RECEPTOR DE GLUCOCORTICOIDES EN *SALMO SALAR*. (Identification and characterization of two glucocorticoid receptor isoforms in *Salmo salar*.)

Lagos, F.^{1,2}, Figueroa, J.^{2,3}, Gudrun, K.^{1,3}, González-Stegmayer, R.^{1,2}, Monrás, M.¹, Enríquez, R.¹, Romero, A.^{1,2}, ¹Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile. ²Centro FONDAP, Interdisciplinary Center for Aquaculture Research (INCAR), Chile. ³Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

En este estudio se logró identificar *in silico* la región codificante de dos isoformas del receptor de cortisol, GR1 y GR2, en *S. salar*. Las secuencias nucleotídica y aminoácida deducida de ambos receptores presentaron un alto grado de identidad con las isoformas homologas de *Oncorhynchus mykiss*, con un 93% y 97%, respectivamente. Asimismo, tanto GR1 y GR2 presentan los clásicos dominios AB, C, D y E, destacando la baja conservación aminoácida del dominio AB de transactivación. La identificación *in silico* de GR1 y GR2 en *S. salar*, se relaciona con la identificación por Western blot de dos proteínas inmunoreactivas, siendo la isoforma de mayor tamaño (97kDa), la predominante en leucocitos, cerebro, hígado y branquias. Asimismo, el receptor fue inmunodetectado por IHQ e IFAT en leucocitos presentes en sangre, donde se logró apreciar inmunoreactividad en la región citoplasmática celular. El análisis de IFAT mostró que el tratamiento de células SHK-1 con cortisol (100 ng/mL), originó la traslocación del receptor hacia el núcleo y un aumento de su expresión, luego de 24 horas de tratamiento con la hormona. Estos resultados sugieren por primera vez la expresión de dos isoformas de GR en *S. salar*

Fondecyt 1141006; Fondap 15110027

Paneles II

ECOLOGÍA

60. BIODEGRADACIÓN DE COMPUESTOS XENOBIÓTICOS POR COMUNIDADES MICROBIANAS DE SUELOS SALINOS (Biodegradation of xenobiotic compounds by microbial communities of saline soils)

Torres, F.^{1,2}, Rodríguez-Valdecantos, G.², Rosello-Mora, R.³, González, B.², ¹Ciencias Ambientales, Ciencias, Universidad de Chile. ²Laboratorio Bioingeniería, Ingeniería y Ciencias, Center for Applied Ecology and Sustainability (CAPES), Universidad Adolfo Ibáñez. ³IMEDEA Instituto Mediterráneo de Estudios Avanzados. (Sponsored by Bernardo González Ojeda)

Suelos salinos expuestos a las descargas provenientes de la industria textil, farmacéutica, agropecuaria o del petróleo representan ambientes en que se combinan la presencia de compuestos xenobióticos con una conductividad poco común. Este problema ha generado interés, entre otros aspectos, por estudiar la dinámica de las comunidades microbianas presentes en estos ambientes. En este trabajo estudiamos los efectos en las comunidades microbianas, mediante el uso de un método molecular independiente de cultivo, como el análisis de polimorfismo de fragmentos de restricción terminal (T-RFLP), de suelos expuestos a compuestos aromáticos como el fenol, tirosina, ácido 4-hidroxibenzoico (4-HB) y 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D), comúnmente usados como modelos de contaminantes. Se evaluaron los cambios en las estructuras comunitarias en el transcurso del tiempo (0, 15 y 30 d) en microcosmos de un suelo salino proveniente de salinas de la Sexta Región, expuestos a concentraciones de 5 y 20 mM de fenol, tirosina, 2,4-D y 4-HB. Se observó que la presencia de estos compuestos produce cambios inmediatos en la estructura comunitaria y que la recuperación de la estructura original es más rápida en tirosina que en 2,4-D, 4-HB y fenol. La capacidad de la comunidad microbiana para remover estos contaminantes, analizada mediante cromatografía líquida de alta resolución, mostró que la velocidad de degradación depende del compuesto utilizado, siendo el 2,4-D uno de los más persistentes. Utilizando técnicas de aislamiento, se logró detectar la presencia de bacterias y hongos capaces de crecer en alta concentración de sal, utilizando como única fuente de carbono los compuestos aromáticos seleccionados. Los resultados obtenidos en este estudio aportan al entendimiento de los procesos de autodepuración y biorremediación de suelos salinos impactados por la actividad humana.

Financiado por proyecto CONICYT FB0002

61. OMNIVORÍA FISIOLÓGICA EN EL ERIZO NEGRO *TETRAPYGUS NIGER* (ECHINODERMATA: ECHINOIDEA) (Physiological omnivory in the black sea urchin *Tetrapygus niger* (Echinodermata: Echinoidea))

Ávila, MI¹, Camus, PA², ¹Ecología (Programa de Magíster en Ecología Marina), Ciencias, Universidad Católica de La Santísima Concepción. ²Ecología, Ciencias, Universidad Católica de La Santísima Concepción. (Sponsored by Patricio A. Camus)

En las comunidades intermareales de Chile, muchas especies comúnmente catalogadas como herbívoros, además consumen presas animales de forma regular, y ya se ha demostrado que las presas animales son palatables y digeribles para algunas de estas especies (*Fisurella limbata*, *F. picta* y *Chiton granosus*). Entre estas especies, el erizo negro *Tetrapygus niger*, uno de los consumidores más importantes y abundantes en estas comunidades, también consume una importante proporción de animales pero su capacidad de asimilarlos no ha sido evaluada. Hipotetizamos que: *T. niger* es un omnívoro fisiológico capaz de alimentarse tanto de presas algales como animales, porque estas últimas le aportan mayor cantidad de proteínas. En laboratorio se evaluó experimentalmente el consumo por *T. niger* de alimento algal (*Ulva* sp.) y animal (*Perumytilus purpuratus*, *Semimytilus algosus* y *Austromegabalanus psittacus*) ofrecidos por separado, y el crecimiento del erizo en los dos tratamientos. Además, se evaluó experimentalmente la preferencia de *T. niger* por presas frescas algales (*Ulva* sp.) y animales (*S. algosus* y *A. psittacus*) ofrecidas en forma simultánea bajo las mismas condiciones. El experimento demostró que *T. niger* sobrevive y crece consumiendo ya sea solo algas o solo animales, sin mostrar diferencias entre ambas dietas. Por otra parte, *T. niger* tampoco mostró preferencias por alguna de las presas algales o animales ofrecidas. Los resultados implican que *T. niger* es capaz de subsistir consumiendo únicamente presas animales con el mismo nivel de éxito que con presas algales, lo que le permitiría persistir sin problemas en un escenario de recursos cambiantes. El hecho de que *T. niger* además no haya preferido ninguna de las presas ofrecidas en particular sugiere que desarrolla una estrategia de tipo oportunista.

62. MODELAMIENTO DE NICHOS DE *BACCHARIS* EN CHILE (Niche modeling of *Baccharis* in Chile)

Solano-Iguaran, J.J.¹, Paula, S.¹, ¹Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas Universidad Austral de Chile.

Conocer cómo el clima influye en la distribución de las especies constituye una de las aproximaciones clásicas de la biogeografía, que en la actualidad cobra relevancia en el contexto del cambio global. En este sentido, Chile constituye un excelente sistema de estudio debido a su extremada diversidad climática. Una de las géneros de plantas más ampliamente distribuidos en Chile es *Baccharis*, característica que lo convierte en un modelo de estudio ideal para evaluar patrones de distribución a macroescala. El objetivo de este trabajo fue analizar cuantitativamente los patrones de distribución de especies del género *Baccharis* en Chile e identificar las variables climáticas relacionadas. Para ello, i) se compiló información georreferenciada de especies *Baccharis* en Chile; ii) se determinaron agrupamientos de especies basándose en su distribución geográfica (corotipos); y iii) se evaluaron las variables climáticas relacionadas con los patrones de distribución de los corotipos. Se obtuvieron diez corotipos que diferencian tres regiones bioclimáticas: norte, centro y sur de Chile. La precipitación anual y su estacionalidad son las variables que tienen mayor influencia en la distribución de los corotipos. No obstante, los corotipos reflejan patrones geográficos a mayor escala (Sudamérica), lo que sugiere que procesos ocurridos en el pasado podrían contribuir a explicar los patrones biogeográficos de *Baccharis* en Chile.

Agradecimientos: FONDECYT1120458.

63. EFECTO DE LA DISPONIBILIDAD DE REFUGIOS SOBRE LA HERBIVORÍA EN UNA COMUNIDAD INTERMAREAL ANTÁRTICA. (Effect of refuge availability on herbivory in an Antarctic intertidal community)

Segovia-Rivera, V.¹, Valdivia, N.¹, ¹Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. (Sponsored by Nelson Valdivia Lahsen)

En un ambiente extremo y adverso, la disponibilidad de refugios puede jugar un rol importante sobre la estructuración y funcionamiento comunitario, ya que ofrecen condiciones que favorecen la adecuación biológica y tasas de crecimiento de organismos. Entonces, las interacciones bióticas, e.g. herbivoría, pueden verse intensificadas en los refugios presentes en estos ambientes. Para poner a prueba esta hipótesis, realizamos un experimento manipulativo de exclusión de herbívoros intermareales en Bahía Fildes, Antártica. Además, cuantificamos la densidad y parámetros individuales (peso y volumen) del herbívoro dominante *Nacella concinna* (Gastropoda) tanto en refugios (pozas intermareales) como en plataformas expuestas al estrés por emersión. Observamos que el efecto de la herbivoría sobre la abundancia de microalgas bentónicas tendió a ser mayor en pozas que en plataformas intermareales. Además, la densidad de *Nacella* fue significativamente más alta en pozas que en plataformas en la zona intermareal media, pero no en la zona baja. Los parámetros individuales no variaron significativamente entre pozas y plataformas. La alta movilidad descrita para *Nacella* podría explicar que el alto efecto de herbivoría en los refugios fue independiente de parámetros corporales. Por lo tanto, nuestro estudio sugiere que el ambiente afecta la fuerza de interacciones a través de modular parámetros poblacionales, pero no así individuales. Beca Apoyo a Tesis INACH PR_01-13. Proyecto UACH DID S-2013-2.

Proyecto Anillo ART1101

64. DIVERSIDAD DEL BANCO DE PLÁNTULAS Y MECANISMOS DE COEXISTENCIA EN BOSQUES INUNDABLES DEL SUR DE CHILE

Mora, J.P.¹, Paula, Susana¹, ¹Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas (ICAUEV), Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Una de las teorías que explica la coexistencia de especies es la diferenciación de nicho, especialmente durante el reclutamiento. No obstante, la diferenciación del nicho de regeneración jugaría un rol menos relevante en ambientes estresantes, donde se postula existe una menor diversidad funcional. Los bosques pantanosos se caracterizan por estar inundados de forma estacional o permanente y, en el caso de los bosques del sur de Chile, presentar una baja disponibilidad lumínica. Utilizamos estos bosques para evaluar el papel de la segregación del nicho de regeneración en el ensamble de especies de ecosistemas estresantes. Para ello evaluamos 1) si el aumento en la heterogeneidad ambiental a microescala implica un aumento en la diversidad en el banco de plántulas y 2) si el mecanismo subyacente es la segregación en el nicho de regeneración. Se midió la elevación sobre el nivel máximo de agua y la apertura de dosel de las plántulas y de los micrositios de reclutamiento en tres bosques inundables del sur de Chile. Encontramos una relación positiva entre la heterogeneidad ambiental y la riqueza de especies en el banco de plántulas, lo que se podría explicar por diferencias interespecíficas en los patrones de establecimiento, que sugieren distintos requerimientos ambientales para el reclutamiento. Discutimos cómo estos patrones están relacionados con rasgos de historia de vida y las variables ambientales claves de este tipo de comunidades. Agradecimientos: MECESUP AUS0805 y Magister en Ciencias mención Recursos Hídricos.

MECESUP AUS0805

65. CLIMA, VEGETACIÓN Y PALEOFUEGOS EN PATAGONIA CENTRO, DURANTE LOS ÚLTIMOS 1800 AÑOS. (Climate, vegetation and paleofire in Central-West Patagonia over the last 1800 years.)

Simi, E.¹, Moreno, P.¹, Villa-Martínez, R.², ¹Ciencias Ecológicas, Ciencias, Universidad de Chile. ²GAIA-Antártica Universidad de Magallanes.

Registros sedimentarios lacustres permiten desarrollar series de tiempo vegetacionales y cambios en el régimen de fuego, dándonos la oportunidad de distinguir señales locales y extralocales por comparaciones inter-sitios. Los últimos 1800 años nos proveen un intervalo temporal adecuado para estudiar la ocurrencia de fluctuaciones globales a escala centenal, incluyendo cambios naturales y cambios asociados a influencia humana, desde la revolución industrial a mediados del siglo XIX. En este trabajo mostramos registros de alta resolución temporal de polen y carbón obtenidos de Lago Churrasco (45°41'30.68"S, 71°49'13.12"W, 800 msnm) y Lago Mellizas (45°32'35.83"S, 71°48'49.08"W, 760 msnm), ambos ubicados cerca de Coyhaique en Patagonia Centro y dominados por el bosque de *Nothofagus pumilio*. Ambos registros muestran predominio de bosque cerrado de *Nothofagus* con escasa variación hasta la llegada de colonos chileno-europeos, cuyas actividades provocaron un cambio a bosques más abiertos, con abundante Poaceae, Asteraceae y exóticas (*Rumex sp.*, *Plantago sp.* y *Pinus sp.*). Los registros de paleofuego indican escasa frecuencia, limitada extensión e impacto en la vegetación, situación que cambia radicalmente en los últimos ~100 años con la llegada de los colonos, quienes utilizaron quemadas como herramienta de despeje. Nuestros resultados demuestran que la perturbación antrópica desde mediados del siglo 19 han generado cambios en la vegetación cuya magnitud y tasa excede los rangos de variabilidad natural durante los últimos 1800 años.

Proyecto Fondecyt 1121141, ICM P05-002 y NC120066, Fondap 15110009, Conicyt – Beca Magíster Nacional

66. VEGETACIÓN, FUEGO, CLIMA Y VOLCANISMO EXPLOSIVO EN CHAITÉN (43°S) DURANTE LOS ÚLTIMOS 10.000 AÑOS (Vegetation, fire, climate and explosive volcanism in Chaitén (43°S) during the last 10,000 years.)

Henríquez, W.¹, Moreno, P.¹, ¹Ecología, Ciencias, Universidad de Chile.

Presentamos un registro de polen y carbón fósil de alta resolución temporal a partir del análisis de testigos de sedimentos obtenidos desde Lago Teo (42°54'S, 72°42'O), un pequeño lago de cuenca cerrada ubicado próximo a la ciudad y volcán Chaitén, con el objetivo de documentar la historia de la vegetación local, fuego y clima, y evaluar el rol de la perturbación volcánica sobre la vegetación y fuego durante los últimos 10.000 años. El registro incluye 26 tefras, demostrando alta frecuencia de erupciones explosivas durante los últimos 10.000 años. El registro polínico muestra dominancia de elementos característicos del bosque lluvioso Valdiviano bajo condiciones relativamente cálidas/secas entre ~7,6-10 ka, seguido por una tendencia multi-milenial de incremento en taxa Nordpatagónicos bajo condiciones más frías/húmedas. Además encontramos que eventos volcánicos locales promueven de manera consistente incrementos estadísticamente significativos en *Eucryphia/Caldcluvia*, *Weinmannia trichosperma* y *Tepualia stipularis*. Cuando comparamos nuestros resultados con sitios inmunes al efecto volcánico detectamos coherencia a escalas milenial y multimilenial, sugiriendo un control climático regional en el establecimiento, composición y mantención de los bosques temperados lluviosos en Chiloé Continental. Esta coherencia se ve interrumpida por cambios en la vegetación a escalas de tiempo centenal ocasionada por regímenes de perturbación volcánica.

ICM P05-002, Fondecyt 1110612

67. CAMBIO VEGETACIONAL A ESCALA CENTENAL DE LAGO CAJUNCO DURANTE LOS ÚLTIMOS 1000 AÑOS.

Contreras, S¹., Moreno, P.^{1,2,3}Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ²Instituto Milenio de Ecología y Biodiversidad Instituto Milenio de Ecología y Biodiversidad.

Cambios en los regímenes de fuego pueden afectar la composición florística, dinámica, estructura de la vegetación. Éstos pueden ser exacerbados por incremento de la estacionalidad y temperatura, cambio vegetacional y eventos de perturbación catastróficas como erupciones volcánicas e influencia antrópica. En este trabajo examinamos cambios en la vegetación, paleofuegos y paleoclima durante el último milenio a partir de un testigo sedimentario de Lago Cajunco, sector centro-norte de Isla Grande de Chiloé (~42°S). Identificamos un tramo basal entre 1065 y 750 años AP con predominio de Myrtaceae y Poaceae y altos valores de carbón macroscópico. Posteriormente, entre 750 y 500 años, detectamos predominio de *Eucryphia/Caldcluvia* y una disminución en el carbón macroscópico. Durante los últimos 500 años observamos persistencia de *Eucryphia/Caldcluvia* junto a la aparición y posterior aumento de *Rumex* y *Plantago*. Éstos últimos son taxa exóticos se origen europeo, indicando impacto antrópico histórico en los alrededores del lago. En base a estas variaciones, sugerimos cambios en la temperatura y los regímenes de precipitación a escala centenal, lo cual permite inferir que ha habido fluctuaciones entre periodos secos y húmedos en esta región durante el último milenio.

ICM P05-002 y NC120066, Fondap 15110009, Fondecyt 1101612

68. VEGETACIÓN, FUEGO Y CLIMA DURANTE LOS ÚLTIMOS 3000 AÑOS EN ÚLTIMA ESPERANZA, REVELADOS POR EL REGISTRO DE LAGO VILLA RENOVA. (Vegetation, fire and climate over the last 3000 years in Ultima Esperanza, according to Lago Villa Renoval record)

Morano-Büchner, C.¹., Villa-Martínez, R.²., Moreno, P.³., ¹Botánica, Instituto de la Patagonia, Universidad de Magallanes. ²PMI GAIA - Antártica Universidad de Magallanes. ³Ciencias Ecológicas Universidad de Chile.

Presentamos un registro de alta resolución de polen y partículas de carbón proveniente de Lago Villa Renoval (52°02'S, 71°55'W) para examinar variaciones en la vegetación, clima y paleofuegos a escala de tiempo centenal durante los últimos 3000 años. El registro muestra un paisaje dominado por bosque deciduo de *Nothofagus* y baja abundancia de herbáceas y arbustos. Identificamos un intervalo con mayor abundancia de Poaceae y Cyperaceae entre 2450-1800 años AP que interpretamos como apertura del bosque y descenso de niveles lacustres. *Nothofagus* incrementa entre 1800-600 años cal AP y alcanza su máxima abundancia entre 600 y 250 años AP a la par con disminución de herbáceas y palustres, lo que interpretamos como establecimiento de un bosque cerrado gatillado por incremento de precipitaciones. *Nothofagus* disminuye durante los últimos 250 años acentuado por incrementos en Poaceae y *Rumex* adjudicables a los efectos de la colonización europea. Variaciones de las precipitaciones inferidas en este registro implican cambios en la intensidad/ posición de los Vientos del Oeste.

Fondap 15110009, and ICM grants P02-51 and NC120066, CONICYT USA2013-0035.

69. RESPUESTA DEL PROCESO DE DESCOMPOSICIÓN DE LA MATERIA ORGÁNICA A UN INCREMENTO EXPERIMENTAL DE LA TEMPERATURA EN UNA TURBERA DEL NORTE DE LA ISLA DE CHILOÉ (Response of organic matter decomposition to experimental warming in a peatland of northern Chiloé Island)

Silva, W¹., Díaz, MF²., Armesto, JJ^{3,4}., ¹Facultad de Ciencias Universidad de Chile. ²Facultad de Ciencias Biológicas Universidad Andrés Bello. ³Instituto de Ecología y Biodiversidad. ⁴Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by Juan José Armesto Zamudio)

Se evaluó el efecto de un aumento experimental de temperatura sobre la descomposición de materia orgánica en una turbera dominada por el musgo *Sphagnum magellanicum* Brid. en el norte de la Isla de Chiloé (42 S). Utilizando cámaras de techo abierto (OTCs) se simuló una condición de calentamiento y se midió la pérdida de biomasa de *S. magellanicum* y la emisión natural de CO₂ asociada con la respiración heterótrofa. Las OTCs aumentaron la temperatura media del aire y del suelo en 2,6 y 1,1 °C respectivamente, durante el período primavera-verano (2013), simulando de manera razonable las expectativas de cambio climático esperado para esta latitud durante las próximas décadas. Después de un año de incubación en el campo, no se observaron diferencias en las pérdidas de biomasa de detritus de *S. magellanicum* (10 y 11 % dentro y fuera de las OTCs, respectivamente). Asimismo, el CO₂ producido durante el período primavera-verano resultó similar en ambas condiciones de temperatura (1,6 y 1,1 μmol m⁻²s⁻¹ dentro y fuera de las OTCs, respectivamente). Estos resultados sugieren que el calentamiento no tendría un efecto medible (al nivel de p<0.05) sobre el proceso de descomposición en la turbera estudiada, lo que podría estar relacionado con la baja calidad química (relación C/N) del detritus de *Sphagnum*, o con la baja magnitud del incremento observado en la temperatura del suelo, que no produjo diferencias en la actividad de los microorganismos descomponedores. Fondecyt 11085007; ICM P05-002; PFB23 (CONICYT)

70. FIDELIDAD AL SITIO Y COMPORTAMIENTO DE HOMING EN *HELCOGRAMMOIDES CHILENSIS* (BLENNIOIDEI: TRIPTERYGIIDAE). (Site fidelity and homing behavior in *Helcogrammoides chilensis* (Blennioidei: Tripterygiidae).

Baeza, D¹., Mansur, L¹., Gonzalez, K¹., Navarrete, AH¹., F.P. Ojeda¹., ¹Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by Proyecto Fondecyt 1130304)

Tanto la fidelidad al sitio como el comportamiento de homing son conductas de los individuos de retornar a lugares definidos luego de desplazamientos importantes. Estas conductas se traducen en beneficios para la reproducción y/o sobrevivencia de sus poblaciones, y se han documentado en una gran variedad de taxa marinos, incluyendo peces litorales tanto de zonas tropicales como templadas. Además de su importancia ecológica, estos comportamientos han sido estudiados para comprender la conectividad entre poblaciones. Estudios realizados en la costa de Chile central han considerado variados aspectos ecológicos del ensamble de peces litorales, sin embargo, el conocimiento sobre el comportamiento de homing y fidelidad al sitio de sus especies aún es limitado. En el presente trabajo evaluamos ambas conductas en *Helcogrammoides chilensis*, la especie residente más representativa del ensamble de peces intermareales de Chile central. Para esto, se utilizó la técnica de marcaje y recaptura y se calcularon los porcentajes de recaptura discriminados por experimentos de trasplantes y localidad. Los resultados indican una conducta de retorno de los individuos de *H. chilensis*, evidenciando fidelidad al sitio y homing. En base a los resultados se discute la importancia de la fidelidad al sitio en peces intermareales para sentar bases científicas en el conocimiento de su conducta y su importancia en la implementación de políticas de manejo y conservación.

Financió Proyecto Fondecyt 1130304

71. ASOCIACIÓN ENTRE LA ABUNDANCIA TEMPORAL DE GAVIOTAS Y EL PARASITISMO EN CRUSTÁCEOS EN PLAYAS DE LA COSTA DEL SUR DE CHILE. (Temporal associations between gull abundance and parasitosis of intermediate hosts in intertidal sandy shores of southern, Chile.)

Rodríguez, SM¹, Cerda, F.¹, Valdivia, N.¹, ¹Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Ciencias, Universidad Austral de Chile. (Sponsored by Nelson Valdivia Lahsen)

La abundancia de parásitos en hospedadores intermediarios depende de la abundancia de propágulos que sean liberados al ambiente por los hospedadores definitivos. Por lo tanto, las variaciones espaciotemporales en abundancia y diversidad de hospedadores finales, producto de variaciones ambientales o impactos antrópicos, pueden resultar en variaciones en la carga parasitaria de los hospedadores intermediarios. Nosotros ponemos a prueba la predicción de que sistemas con alta variabilidad temporal en hospedadores finales, mostrarán mayores fluctuaciones en la parasitosis de los hospedadores intermediarios que sistemas más estables. Para esto, se monitoreará la abundancia de cuatro especies de gaviotas y del crustáceo *Emerita analoga*, hospedador intermediario del parásito acantocéfalo *Profilicollis bullocki*. Las estimaciones se realizarán bimensualmente entre Enero de 2014 y Octubre 2015 en playas de arena con alta y baja amplitud de abundancias de gaviotas ($n = 2$). La amplitud estacional de la abundancia total de aves es de 112-848 y 97-520 ind. playa⁻¹ en playas con alta variabilidad, y 9-101 y 26-173 ind. playa⁻¹ en aquellas con menor variabilidad. Esta investigación ayudará a entender la importancia de la variación temporal en abundancia y diversidad de aves marinas migratorias y el posible efecto epidemiológico sobre los hospedadores intermediarios residentes en nuestras costas. Proyecto Fondecyt 1141037

72. VARIACIÓN LATITUDINAL DEL TAMAÑO CORPORAL Y MORFOLOGÍA DE *SIPHONARIA LESSONI* A LO LARGO DE LA COSTA SURESTE DEL PACÍFICO.

(Latitudinal variation in body size and morphology of *Siphonaria lessoni* along the Southeastern Pacific coast.)

Pardo-Gandarillas, M. C.¹, Campos, C.¹, Hernández, M. F.¹, Salazar, J.¹, Torres, F.¹, Varas, D.¹, Sepúlveda, R. D.², Ibáñez, C. M.¹, ¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ²Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. (Sponsored by María Cecilia Pardo Gandarillas)

Estudios han descrito la variación geográfica del tamaño y la forma de diversos invertebrados marinos, pero las causas de este patrón no han sido completamente reveladas. El gasterópodo pulmonado *Siphonaria lessoni* tiene un amplio rango de distribución en Sudamérica. En este estudio su morfología fue estudiada en 19 sitios desde el norte de Perú hasta Punta Arenas en Chile. Se midieron la longitud total, ancho, alto, y distancia del ápice de 700 ejemplares adultos para realizar Análisis de Componentes Principales (ACP) y estimar la variación del tamaño corporal y morfología entre localidades. Usando modelos de regresión lineal se evaluó la variación latitudinal del tamaño y morfología asociado con variables ambientales. El primer eje del ACP explicó un 87,4% de la varianza del tamaño corporal. El segundo eje explicó un 9,7% de la variación morfológica. El ACP también mostró una alta correlación entre la longitud total y ancho, y una correlación inversa entre el alto y distancia del ápice, significando que las lapas más altas tienen una menor distancia del ápice. Ambos ejes del ACP (I y II) se relacionaron significativamente con la latitud, sugiriendo así que las lapas hacia el sur serían más grandes y presentarían una mayor variación morfológica. La variación del tamaño corporal fue asociada significativamente con la variación local de la temperatura media, salinidad y clorofila-a en un gradiente latitudinal. Mientras, la variación morfológica se relacionó solo con la salinidad y el oxígeno. Se sugiere así la influencia de las condiciones oceanográficas como posibles factores responsables en la variación morfológica de *Siphonaria lessoni* por las costas del Pacífico Sureste. FONDECYT 3140610

73. PATRONES ALTITUDINALES EN EL USO DEL ESPACIO POR ZORROS EN EL DESIERTO DE ATACAMA (Altitudinal Patterns on Space Use by Foxes in the Atacama Desert)

Contreras, L.¹, Ugalde, Ma C.², ³Wallem, A.P., Karin P.³, Iriarte, A.³, ¹Gerencia Ambiente y Responsabilidad Social - Chile KGHM International. ²Medio Ambiente Sierra Gorda SCM. ³Estudios Flora y Fauna Ltda..

Este estudio se focaliza en determinar el uso del espacio en los distintos ambientes del desierto de Atacama de las dos especies del género *Lycalopex* y su relación con asentamientos humanos y perros. En la literatura se ha descrito una segregación de nicho altitudinalmente de las dos especies encontrándose el zorro chilla (*L. griseus*) en la costa y el zorro culpeo (*L. culpaeus*) en el interior y cordillera de los Andes. Mediante el uso de trampas cámaras, búsqueda de signos de presencia (huellas y heces), y el uso de collares satelitales GSM se mapeo el patrón de ocupación de hábitat de estas dos especies. Es la primera vez en Chile que se usa esta metodología de collar satelital conectados a redes de celulares. El área de estudio se dividió en cuatro (4) sectores: costa, cordillera de la costa, sierra- pampa y cordillera de los Andes. Hasta la fecha se observa que el zorro culpeo ocuparía tanto las áreas costeras, como sierra-pampa y Cordillera de los Andes. El zorro chilla sólo se observó en el cordón montañoso costero. Cabe destacar que tanto en el sector costero como en la sierra-pampa se registró la presencia de perros asilvestrados, que podrían estar afectando negativamente a las poblaciones de zorros por uso de recursos alimenticios, transmisión de enfermedades, agresiones directas u otros efectos.

Estudio financiado por Sierra Gorda SCM.

74. INTERACCIÓN ENTRE *COLOBANTHUS QUITENSIS* BARTL Y *DESCHAMPSIA ANTARCTICA* DESV.: ¿CAMBIA CON EL INCREMENTO DE LA TEMPERATURA? (Interaction between *Colobanthus quitensis* Bartl and *Deschampsia antarctica* Desv.: changes with increasing temperature?)

Sanhueza, A.^{1,2}, Cavieres, Lohengrin^{2,1}, Sierra-Almeida, Angela^{1,2}, ¹ECOBIO, Botánica, Ciencias Naturales y Oceanografía, Universidad de Concepción. ²IEB Instituto de Ecología y Biodiversidad. (Sponsored by Angela Sierra-Almeida)

En los últimos 50 años *Deschampsia antarctica* y *Colobanthus quitensis* han aumentado su tamaño poblacional y expandido su rango de distribución en la Península Antártica. Estos cambios se han atribuido a que el incremento de la temperatura ambiental ha disminuido la rigurosidad ambiental, provocando un aumento en la tasa fotosintética. No obstante, el calentamiento podría promover la competencia entre estas especies, la cual podría disminuir su habilidad para resistir temperaturas congelantes. Por ello, evaluamos los efectos del aumento de temperatura en el desempeño fisiológico de estas especies. Para ello se plantaron individuos de *C. quitensis* (C) y *D. antarctica* (D), en las siguientes combinaciones D0, C0, DD, DC, CC, en dos regímenes de temperaturas (5/2°C, 11/5°C) durante 3 meses. Luego se midió biomasa total y foto-inactivación. Nuestros resultados muestran que sin importar la combinación, la biomasa total fue mayor en los individuos creciendo a mayor temperatura. La foto-inactivación indica que la resistencia al congelamiento de *C. quitensis* no registra diferencias entre tratamientos. En cambio, *D. antarctica* aumentó su resistencia en todos los tratamientos y regímenes de temperatura. Pese a las diferencias observadas en los parámetros fisiológicos, éstos no sugieren competencia entre estas especies. PIA ART 1102; P05-002 (ICM); PFB-023 (IEB).

PIA ART 1102; P05-002 (ICM); PFB-023 (IEB).

75. EXPOSICIÓN SUBCRÓNICA DEL CLORPIRIFÓS EN CODORNICES (*Coturnix coturnix japonica*) (Subchronic Exposure Of Chlorpyrifos In Quails (*Coturnix Coturnix Japonica*))

Narváez, C.¹, Sabat, P.², Sánchez-Hernández, J.C.³, ¹Departamento Ecología, laboratorio de Ecofisiología Animal, Ciencias, Universidad de Chile. ²Departamento de Ecología, Laboratorio de Ecofisiología Animal, Ciencias, Universidad de Chile. ³Laboratorio de Ecotoxicología, Ciencias Ambientales y Bioquímica, Castilla-La Mancha.

El uso de pesticidas para combatir las plagas, aumentar el rendimiento de las cosechas y disminuir el riesgo de pérdida es muy común en la agricultura. Sin embargo, su uso también representa desventajas ya que exhiben una elevada neurotoxicidad aguda e inespecífica que afecta a los organismos *no objetivo*. Las carboxilesterasas (CbE) y butirilcolinesterasa (BChE) pueden ser utilizadas como biomarcadores puesto que son enzimas claves en la detoxificación de pesticidas y presentan una gran sensibilidad a estos compuestos. Además, los pesticidas producirían un gasto energético y de nutrientes adicional, asociado a su detoxificación. El objetivo de este estudio fue determinar el gasto energético y los niveles de esterasas en tres tejidos de codornices japonesas, *Coturnix coturnix japonica*, sometidas a una exposición crónica de un pesticida organofosforado (Clorpirifós). Nuestros resultados mostraron una disminución del metabolismo máximo y de la expansión metabólica además de una significativa inhibición de las tres esterasas en el hígado y el plasma sanguíneo hacia la tercera y cuarta semana del tratamiento. Estos resultados dan cuenta de un efecto crónico en el desempeño aeróbico y en las esterasas producido por la exposición constante al pesticida organofosforado.

FONDECYT 1120276

76. AJUSTES FISIOLÓGICOS EN LA EFICIENCIA DEL USO DEL AGUA DE *NOTHOFAGUS PUMILIO* DURANTE EL ÚLTIMO SIGLO, INFERIDOS DESDE CRONOLOGÍAS DE $\delta^{13}\text{C}$. (Centennial changes in water-use efficiency of *Nothofagus pumilio* forest across an altitudinal gradient inferred from $\delta^{13}\text{C}$ tree-ring chronologies)

Peña, M. P.¹, Christie, D. A.², Paula, S.¹, Coopman, R. E.², ¹Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. ²Instituto de Conservación Biodiversidad y Territorio, Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile.

In temperate regions, the relationship between climate and radial growth in trees changes along the altitudinal gradient, suggesting that stressful conditions and physiological adjustment differ with altitude. To assess the physiological adjustments of *Nothofagus pumilio* trees and the response of tree performance to climate variability and CO_2 -enriched atmosphere along the altitudinal gradient (1200-1400 m.a.s.l.), we developed three different $\delta^{13}\text{C}$ tree-chronologies for the last ~100 years at the Choshuenco volcano, Chile (39°S). Changes in the temporal trends of $\delta^{13}\text{C}$, intercellular CO_2 concentration (c_i), carbon isotope discrimination ($\Delta \approx c_i/ca$) and intrinsic water use efficiency (iWUE) were analysed to evaluate tree response to increase in CO_2 atmospheric concentration (ca). Atmospheric and preindustrial CO_2 correction (PIN) was used to evaluate whether the trends observed in $\delta^{13}\text{C}$ tree-ring series can be explained by changes in local climate. Preliminary results show that, at the three altitudes tested, iWUE increases significantly with changes in climate during the last decades (i.e., there is an active response to ca increase), with a marked rise after 1978. According to these responses, $\delta^{13}\text{C}$ corrected tree-ring series shown an increase with respect raw series, suggesting that both ca enrichment as well as changes in regional climate conditions are modulating the physiological response of *N. pumilio* during the last century. Although all altitudes shown similar trends, the strength of the correlation with climate along time differ between altitudes. From these results, we discuss different physiological adjustments across the altitudinal gradient in relation to the observed climatic and radial growth trends.

FONDECYT 1120965, CONICYT-PCHA 21100673, FONDAP1511009

77. VARIACIÓN INTRASPECÍFICA DE *DRIMYS WINTERI* EN REQUERIMIENTOS DE INUNDACIÓN PARA GERMINACIÓN (Intraspecific variation in flooding requirements for germination in *Drimys winteri*)

Bustos-Salazar, Á.¹, Zúñiga-Feest, A.², Piper, F. I.^{3,4}, Smith Ramírez, C.^{3,5}, ¹ICByT, Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile. ²ICAYE, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. ³IEB Universidad de Chile. ⁴CIE Universidad Austral de Chile. ⁵Instituto de Manejo de Bosques Universidad Austral de Chile.

Los humedales son ecosistemas caracterizados por anegamiento gradual o intermitente siendo altamente vulnerables al cambio climático global. Cambios en el régimen de inundación podrían afectar negativamente la germinación y establecimiento de plántulas, procesos críticos en la dinámica de los humedales. En especies de amplia distribución tal efecto podría ser modulado por variación intraespecífica. Estudiamos el efecto de distintos periodos de inundación sobre la germinación y posterior crecimiento de plántulas en diferentes poblaciones de *Drimys winteri* var. *chilensis*; especie representativa de los humedales boscosos chilenos. Postulamos que reducciones en el periodo de inundación afectan negativamente la germinación y posterior crecimiento de plántulas en *D. winteri* y que dichas respuestas dependen del clima de origen: poblaciones de climas super-húmedos (sur) serían más afectadas que poblaciones de ambientes más mediterráneos (norte). Para testear nuestra hipótesis; frutos de *D. winteri* fueron colectados en seis poblaciones (32° a 40°S), evaluándose el efecto de distintos periodos de inundación (0, 20, 40, 60 y 90 días) sobre la germinación y desempeño de plántulas emergidas. Contrariamente a lo esperado, las poblaciones del norte aumentaron la tasa de germinación en respuesta a periodos más prolongados de inundación, mientras que en poblaciones del sur el periodo de inundación no afectó la germinación. De acuerdo a lo esperado, las plántulas de poblaciones del sur y del norte tendieron a crecer más y menos, respectivamente, en respuesta a inundación más prolongada. Nuestros resultados sugieren que futuros escenarios de cambio climático afectarán negativamente la regeneración de *Drimys winteri* en la región mediterránea.

Agradecimientos: FONDECYT 1100941, Laboratorio de Biología Vegetal, ICAYE UACH, Postgrado FCFyRN y Programa de Doctorado Interuniversitario de la Facultad de Ciencias Forestales UACH y CR2

78. RESPUESTAS FOTOBIOLOGICAS MACROCYSTIS PYRIFERA (LINNAEUS) C. AGARDH EN ESCENARIOS DE ELEVADA TEMPERATURA Y RADIACIÓN UV (Photobiological responses of *Macrocystis pyrifera* (Linnaeus) C. Agardh in elevated temperature and UV radiation scenarios)

Flores-Molina, M.R.^{1,2}, Muñoz, P.^{1,2}, Díaz, M.J.¹, Garrido, I.¹, Huovinen, P.¹, Gómez, I.¹, ¹Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.²Doctorado en Biología Marina, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

En los sistemas de aguas frías, tales como fiordos y estuarios del sur de Chile, los diferentes escenarios de cambio climático suponen efectos sobre la biota, los que recientemente han comenzado a ser estudiados.

Especies de aguas poco profundas toleran la radiación UV mejor que las especies que viven a mayor profundidad, por lo que una disminución de la tolerancia a UV desde el intermareal alto al submareal es un factor determinante en la zonación de las algas en los sistemas litorales.

Macrocystis pyrifera (Linnaeus) C. Agardh es una especie dominante que posee una alta variabilidad morfológica (plasticidad fenotípica) y fisiológica. Altas intensidades de radiación solar, más que otros factores ambientales, inhiben el reclutamiento de esta especie en aguas superficiales, afectando las etapas posteriores de asentamiento.

El objetivo de este trabajo es analizar las respuestas ante temperatura y UV en la especie *Macrocystis pyrifera* en invierno, tanto especies que habitan en el intermareal bajo como en el submareal, en la localidad de Valdivia. Los individuos fueron expuestos tanto a radiación PAR y PAR+UVA+UVB, 3 temperaturas (5,10 y 25°C) y 5 tiempos de exposición (0, 2, 6 24, y 48 horas), midiendo como respuesta fisiológica la eficiencia fotosintética (Fv/Fm) y los niveles de compuestos fenólicos fotoprotectores (florotaninos). Se observa que los individuos intermareales muestran una mejor tolerancia a radiación UV comparado con las del submareal, mostrando mayor eficiencia fotosintética hasta 48 horas de exposición. Del mismo modo, las concentraciones de florotaninos están asociados con una mayor tolerancia al estrés térmico y lumínico.

FONDECYT 1130794

79. RESPUESTA FOTOSINTÉTICA A INCREMENTO DE TEMPERATURA EN COLOBANTHUS QUITENSIS DE LA PENÍNSULA ANTÁRTICA. (Photosynthetic response to increased temperature of *Colobanthus quitensis* population from The Antarctic Peninsula)

Rivera, B.¹, Sanhueza, C.², Sáez, P.¹, Cavieres, L.³, Sierra-Almeida, A.³, Bravo, L.⁴, ¹Departamento de Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción. ²Departamento de Botánica, Facultad de Naturales y oceanográficas, Universidad de Concepción. ³Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ⁴Departamento de Ciencias Agronómicas y Recursos Naturales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Universidad de La Frontera. (Sponsored by León Bravo Ramirez)

En la Península Antártica un factor limitante para el desarrollo de las plantas como es la baja temperatura está siendo dramáticamente modificado debido al acelerado calentamiento regional. *Colobanthus quitensis* (Kunth) Barl es la única dicotiledónea que ha colonizado exitosamente la antártica. Esta especie presenta una maquinaria fotosintética bien adaptada a bajas temperaturas, sin embargo, su óptimo fotosintético se alcanza sobre su temperatura de crecimiento, sugiriendo una alta eficiencia fotosintética a mayor temperatura. Se estudió el efecto de un incremento de la temperatura de crecimiento sobre la asimilación de carbono en

poblaciones de *C. quitensis* colectadas en las cercanías de la Base Polaca Arctowski las que fueron crecidas por alrededor de dos meses en cámaras a 5 y 11°C. Se evaluó intercambio de gases a las dos temperaturas utilizando un IRGA. A mayor temperatura de crecimiento se generó un incremento en la curva de respuesta fotosintética a la temperatura. Medidas a baja temperatura las plantas crecidas a 5°C mostraron aclimatación fotosintética. Plantas crecidas a 11°C no saturan su asimilación de carbono a altas concentraciones de CO₂ mostrando una significativa inducción de su maquinaria fotosintética a 11°C que podría estar relacionada con mayor velocidad de carboxilación de la rubisco. Se concluye que el calentamiento podría generar incremento de la fotosíntesis en esta especie pero podría disminuir su tolerancia a la baja temperatura
PIA ART 1102

80. EFECTO DEL CALENTAMIENTO SOBRE LAS LIMITACIONES FOTOSINTÉTICAS EN PLANTAS VASCULARES DE LA ANTÁRTICA (Warming effect on photosynthetic limitations in vascular plants from Antarctic)

Vallejos, V.¹, Sáez, P.¹, Sanhueza, C.², Cavieres, L.³, Bravo, L.⁴, ¹Departamento de Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción. ²Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ³Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ⁴Departamento de Ciencias Agronómicas y Recursos Naturales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Universidad de La Frontera. (Sponsored by León Bravo Ramirez)
El calentamiento regional es una de las principales características del cambio climático y sus consecuencias ya están siendo evidentes en la Península Antártica. Como la fotosíntesis es altamente dependiente de la temperatura es probable que un incremento de la temperatura resulte en una reducción en las limitaciones fotosintéticas en plantas antárticas. En esta investigación se evaluó los cambios producidos por OTC (cámaras de calentamiento pasivo) en las condiciones microclimáticas y su posible efecto sobre las limitaciones fotosintéticas en individuos de *Deschampsia antarctica* y *Colobanthus quitensis*. Las OTCs fueron instaladas 2102 en poblaciones creciendo cerca de Arctowski y evaluadas al final de la estación de crecimiento 2014. Se instaló un registro microclimático dentro y fuera de OTC. Se realizaron curvas de asimilación a 10 y 15°C utilizando un IRGA. La OTC generó un incremento de la temperatura ambiental alrededor de 3°C. Un incremento en la temperatura de medición favoreció la conductancia del mesófilo en *C. quitensis* y generó un incremento en la carboxilación de la Rubisco tanto dentro como fuera de OTC. Nuestros resultados indican que un incremento de la temperatura tendría un efecto positivo sobre las limitaciones de la fotosíntesis en estas especies siendo de tipo difusional para *C. quitensis* y bioquímico para *D. antarctica* generando un incremento en la asimilación lo que explicaría el incremento poblacional observado en los últimos años.

PIA ART 1102

81. CONSECUENCIAS DEL AUMENTO DE LA TEMPERATURA Y LA SEQUÍA SOBRE LA RESISTENCIA AL CONGELAMIENTO DE *DESCHAMPSIA ANTARCTICA* DESV. (POACEAE) Y *COLOBANTHUS QUITENSIS* (KUNTH) BARTL. (CARYOPHYLLACEAE) (Consequences of the temperature increase and drought on the freezing resistance of *Deschampsia antarctica* Desv. (Poaceae) and *Colobanthus quitensis* (Kunth) Bartl. (Caryophyllaceae))

Reyes, C.^{2,1}, Cavieres, L. A.^{2,1}, Sierra-Almeida, A.^{2,1}, ¹IEB Instituto de Ecología y Biodiversidad. ²ECOBIOIS, Botánica, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

Se espera que el calentamiento de la Península Antártica ocurra en combinación con sequías durante el SXXI. El calentamiento puede disminuir la resistencia al congelamiento (RC) de *Deschampsia antarctica* y *Colobanthus quitensis*, no obstante, la sequía puede tener el efecto contrario. Por ello, en este trabajo evaluamos si la RC de estas especies disminuye a mayores temperaturas de crecimiento y si esta situación cambia con la disponibilidad hídrica. Para ello, plantas de ambas especiesse expusieron a un experimento factorial de temperatura (5°/2°C-11°/5°C) y riego (constante-suspensión) y se estimó la RC calculando la temperatura letal para el 50% del tejido. *C. quitensis* disminuyó 8°C su RC a mayor temperatura, pero esta diferencia fue de 6°C en condiciones sin riego. *D. antarctica* disminuyó 2,5°C su RC a mayor temperatura en ambas condiciones de riego. Por lo tanto, los efectos negativos del calentamiento sobre RC de estas especies podrían ser atenuados si éste ocurre en condiciones hídricas más secas. PIA-Conicyt ART-1102.

Anillo Antártico PIA-Conicyt ART-1102

82. APROXIMACIÓN PRELIMINAR A LA DISTRIBUCIÓN POTENCIAL DE LA ARAÑA DEL RINCÓN *LOXOSCELES LAETA* (ARANEAE; SICARIIDAE) DESDE EL LABORATORIO (Preliminary estimation of the potential distribution of the Chilean recluse spider *Loxosceles laeta* (Araneae; Sicariidae) from laboratory data)

Canals, M.¹, Canals, M.J.², Alfaro, C.³, Taucare-Rios, A.³, ¹Programa de Salud Ambiental, Medicina, Universidad de Chile. ²Historia, Filosofía y Humanidades, Universidad de Chile. ³Ciencias Ecológicas, Ciencias, Universidad de Chile.

A pesar que la araña del rincón *Loxosceles laeta* es una araña muy común y conocida, existen sólo datos aislados en relación a su distribución en Chile. Trabajos previos han dado a conocer sus temperaturas y microambientes preferentes a micro escala. En este trabajo estudiamos preliminarmente la distribución potencial de esta especie a partir de la distribución de frecuencias de temperaturas preferidas en el laboratorio. Integramos esta información con las temperaturas mínimas, medias y máximas georeferenciadas a lo largo de Chile. Las frecuencias de elección de temperaturas (T) fueron traducidas a probabilidad de elección (p), obteniendo así la relación $p = f(T)$. Y luego, de acuerdo a la temperatura presente (Tmin, Tpr y Tmax) en cada lugar se obtuvieron tres mapas de distribución potencial. Se estandarizaron e integraron en uno sólo. La distribución potencial obtenida es consistente con la distribución señalada en la literatura, lo que en este caso sugiere que es posible inferir desde la micro a la macro-escala.

Fondecyt 1110058

EVOLUCIÓN

83. LAS POBLACIONES CHILLÁN Y LA FLORIDA DE *DROSOPHILA PAVANI*, SON DOS ESPECIES. (The populations Chillán and La Florida of *Drosophila pavani* are two species).

Del Pino, F.¹, Jara, C.¹, Álvarez, E.¹, Pino, J.L.¹, Godoy-Herrera, R.¹, Medina, M. C.², ¹Programa de Genética Humana, Medicina, Universidad de Chile. ²Biología, Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha de Ciencias de La Educación.

Cruzamientos entre poblaciones que originan embriones inviables y/o adultos estériles, sugieren especies distintas. Los híbridos del cruce entre La Florida y Chillán (*D. pavani*), exhiben asimetría alar, sugiriendo diferencias genéticas entre estos aislados. Estudiamos los híbridos F₁, F₂ y F₃ entre La Florida y Chillán y entre estas poblaciones y *Drosophila gaucha* (cepas Buenos Aires y Campos de Jordan). Los datos se sometieron a ANOVA y a un análisis *a posteriori*. Las hembras La Florida y Chillán cruzadas con machos de la otra población, disminuyeron su fecundidad en un 50%. Las hembras F₁, cruce ♀ Chillán x ♂ La Florida, originan 87% de huevos inviables, 1,2 % de adultos y 11,8 % de larvas que mueren antes de 24 h. El cruce ♀ La Florida x ♂ Chillán, originó adultos F₂. Las hembras de esta generación producen 85% de huevos F₃ inviables y un 15% de larvas que mueren antes de las 72 h. Chillán y La Florida están aisladas reproductivamente. Por otro lado, la descendencia Chillán x Buenos Aires (*D. gaucha*) es infértil, mientras el cruce Chillán x Campos de Jordan (*D. gaucha*), no origina descendencia. La Florida cruzada con *D. gaucha* produce híbridos adultos infértiles. Los datos sugieren que Chillán y La Florida (*D. pavani*) realmente son dos especies. ENLO12/14.

84. DELIMITACIÓN DE ESPECIES MEDIANTE UN ENFOQUE MULTILOCUS EN EL COMPLEJO *LIOLAEMUS TENUIS* (SQUAMATA: LIOLAEMIDAE) (Multilocus Species Delimitation In The Complex *Liolaemus Tenuis* (Squamata: Liolaemidae))

Panzer, A.^{1,2}, Muñoz-Mendoza, C., Camargo, A.³, D'Elía, G.⁴, Victoriano, P.¹, ¹Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Programa de Doctorado en Sistemática y Biodiversidad, Becaria CONICYT (2013), Universidad de Concepción. ³Centro Universitario de Rivera Universidad de la República. ⁴Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Las inferencias evolutivas resultantes de filogenias basadas en evidencia molecular han modificado profundamente la forma en que entendemos la diversidad biológica, revelando por ejemplo una diversidad mucho mayor que la considerada previamente. Si bien los datos genealógicos son una importante fuente de evidencia para la delimitación de especies, la mayoría de los estudios emplean un solo locus o una matriz concatenada cuando se utilizan varios loci, hecho que no permite tener en cuenta la diferencia entre árboles de genes y árboles de especies. Recientemente, se han desarrollado métodos más robustos que toman en cuenta la filogenia de las especies y la estocasticidad del proceso coalescente, contemplando el reparto incompleto de linajes y la incertidumbre de los árboles de genes. En el presente trabajo, aplicamos uno de estos métodos para investigar la diversificación de las lagartijas del complejo *Liolaemus tenuis* utilizando secuencias de ADN (7 loci) de 157 especímenes de Chile central. Encontramos que la diversidad dentro de *Liolaemus tenuis* está siendo subestimada, ya que existen varios linajes de divergencias profundas dentro de este complejo, los cuales son considerados candidatos a especies crípticas. Por lo tanto, el esquema clasificatorio actual no refleja de forma adecuada la diversidad del complejo ni las relaciones evolutivas de dichos linajes; sin embargo, se necesita evidencia adicional independiente (e.g., análisis morfológicos) antes de proponer modificaciones taxonómicas formales. Destacamos la importancia de éstos resultados a la luz de la actual crisis de la biodiversidad y señalamos nuevas áreas de interés para futuras investigaciones.

FONDECYT 1120872

85. CONSECUENCIAS DE LAS GLACIACIONES PLEISTOCÉNICAS SOBRE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE *NANNOPHYRNE VARIEGATA* (GÜNTHER, 1870) (ANURA: BUFONIDAE) EN POBLACIONES DE LA PATAGONIA OCCIDENTAL (Consequences of Pleistocene glaciations on the genetic diversity of *Nannophryne variegata* (Günther, 1870) (Anura: Bufonidae) on populations of western Patagonia)

Guerrero A., J. P.¹, Rodríguez-Serrano, E.¹, Ortiz Z., J. C. ¹, ¹Zoología, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

La Patagonia es una región que ha estado expuesta periódicamente a una serie de avances y retrocesos glaciales. Estos eventos la han afectado periódicamente provocando efectos sobre la biota. El Último Máximo Glacial generó efectos diferenciados, modificando los patrones de distribución y diversificación de su biota. En la vertiente occidental de los Andes patagónicos, se han observado diversas respuestas de la biota donde han sido propuestos una serie de refugios. Este estudio evaluó zonas de refugio en Puerto Edén, basado en la estructura filogeográfica de poblaciones australes del anuro patagónico *Nannophryne variegata*. Se utilizaron 70 secuencias de 836 p.b. del ADN mitocondrial, pertenecientes al rango aledaño al Campo de Hielo Sur. Se analizó la variación genética y aspectos demográficos recobrados desde los haplotipos identificados. A partir de 14 haplotipos se detectaron dos poblaciones, una en Puerto Edén y otra representando las localidades periféricas a ella. Los valores de diversidad genética fueron mayores para la población de Puerto Edén, con respecto a la población periférica. Los resultados sugieren que la población de Puerto Edén experimentó una estabilidad poblacional versus una expansión poblacional en las zonas aledañas lo que se asocia con una zona de refugio en épocas glaciales del Pleistoceno.

Dr. Juan Carlos Ortiz Zapata

86. ANÁLISIS FILOGEOGRÁFICO DE *MICROLOPHUS QUADRIVITTATUS* (SQUAMATA) PRESENTA INCONGRUENCIAS TAXONÓMICAS (Phylogeography of *Microlophus quadrivittatus* (Squamata) suggest taxonomic incongruences)

Ramírez-Saldaña, T.¹, Ortiz, J. C.², Vidal Maldonado, M.³, Boric-Bargetto, D.¹, Torres-Perez, F.¹, ¹Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. ²Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ³Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío.

La filogeografía se ha transformado en un importante campo de estudio utilizada en diferentes áreas de la biología, como la ecología, biogeografía, etología, paleontología y filogenética. Tiene como objetivo examinar la distribución de la genealogía de alelos o haplotipos en un contexto geográfico utilizando la información histórica contenida en los genes. *Microlophus quadrivittatus* es una especie nativa de Chile y el Perú, distribuida a lo largo del borde costero desde Islay (Perú) hasta la rivera norte del Río Loa al sur de Iquique (Chile).

Utilizando secuencias nucleotídicas del genoma mitocondrial citocromo b, se realizaron análisis filogeográficos y estructura poblacional en poblaciones de *M. quadrivittatus*. Los resultados mostraron alta estructuración poblacional, lo que puede ser explicado por la gran distancia geográfica entre poblaciones acoplado a reducida vagilidad, lo que limitaría el flujo de genes entre poblaciones. Los análisis filogenéticos mostraron que las secuencias asignadas a *M. quadrivittatus* no fueron agrupadas en un clado (no monofiléticas). El test de Mantel mostró que *M. quadrivittatus* no sigue un modelo de aislamiento por distancia. Estos resultados sugieren que las poblaciones costeras de *Microlophus* en el Norte de Chile y Sur del Perú estarían representadas por más de una especie (sintópica), y/o que existen otros procesos genético-poblacionales que podrían explicar estos resultados (e.g. introgresión mitocondrial).

Proyecto FONDECYT 1131009

87. APORTE MULTIGENÉTICO A LA FILOGENIA DE GASTROPODA BASADO EN ESPECIES MARINAS DE LA COSTA DE CHILE (Multigenetic contribution to the phylogeny of Gastropoda based on marine species of the coast of Chile)

Gálvez, F.E.¹, Rivadeneira, M., Haye, P., ¹Biología Marina, Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte.

La información que se ha reunido tras décadas de investigación acerca de Gastropoda ha elucidado la amplia diversidad y el excelente registro fósil que presentan, pero a pesar de aquello, aún no es posible alcanzar una resolución total de las relaciones filogenéticas dentro de Gastropoda. En general se acepta la filogenia de Ponder & Lindberg (1997), pero hay incongruencias entre los estudios probablemente debido al limitado muestreo taxonómico, genes y grupos externos utilizados. Mediante un análisis filogenético realizado con secuencias de 5 genes (COI, CytB, 18S, 28S, y H3) de 35 especies de conchíferos marinos de Chile, se evaluaron las relaciones filogenéticas en base a la actual taxonomía del grupo. El nivel de resolución de los distintos genes fue variable. El 18S fue el único gen que corroboró, con alto soporte, la monofilia de 4 subclases de Gastropoda, aunque las familias resultaron parafiléticas. El análisis con todos los genes concatenados entregó la mejor resolución, con buenos valores de soporte y consistencia con la actual taxonomía. Pulmonata resultó monofilético, considerando sólo representantes marinos. Nuestros resultados basados en datos de 5 genes para conchíferos marinos de Chile permiten reconocer la importancia de análisis multigenéticos en estudios filogenéticos.

Proyecto Fondecyt 1110582

88. AUTOCORRELACIÓN GENÉTICA ESPACIAL EN LA LAGARTIJA *LIOLAEMUS TENUIS* (SQUAMATA: LIOLAEMIDAE), BASADA EN ADN MITOCONDRIAL, SUGIERE ASOCIACIONES CON ESTABILIDAD AMBIENTAL HISTÓRICA (Spatial genetic auto-correlation in *Liolaemus tenuis* (Squamata: Liolaemidae), based on mtDNA, suggests association with historical environmental stability)

Benavente, J.¹, Gómez-Uchida, D. ¹, Muñoz-Mendoza, C.¹, Victoriano, P.F.¹, ¹Zoología Universidad de Concepción.

En especies que presentan capacidades de dispersión limitada, como las lagartijas, la variación genética tiende a estructurarse, donde sus individuos suelen presentar una autocorrelación espacial positiva que disminuye al aumentar su distanciamiento geográfico. Nosotros estudiamos a *Liolaemus tenuis*, lagartija ampliamente distribuida en Chile y que abarca diferentes escenarios paleoclimáticos-biogeográficos (zonas mesomórfica, transicional e hidromórfica). La edad del taxón sugiere haber sido afectada reiteradamente por las glaciaciones del pleistoceno, predominantemente a mayores latitudes, por lo que esperamos que poblaciones de *L. tenuis* de las zonas mesomórfica y transicional presenten mayor autocorrelación espacial que en la hidromórfica por su mayor estabilidad climática. Utilizamos secuencias del gen cyt-b (ADNmt), de 230 individuos de *L. tenuis* provenientes de todo su rango distribucional. Se realizaron análisis de autocorrelación espacial en cada zona biogeográfica y se usó un test de heterogeneidad para determinar diferencias entre correlogramas. Encontramos los mayores valores de autocorrelación en la zona mesomórfica, condicionándose con que ésta fue la zona menos afectada por el avance de los glaciares pleistocénicos, mientras que en la zona hidromórfica no se encontró estructuración espacial entre individuos, sugeriendo de una expansión poblacional reciente en la zona de avance y retroceso de los hielos. El test de heterogeneidad determinó diferencias significativas entre los tres correlogramas, siendo consistente con las diferentes historias bioclimáticas de las tres zonas. Estos resultados se condicen con patrones filogeográficos de la especie, donde las glaciaciones del pleistoceno parecen explicar el patrón de gradiente latitudinal de estructuración a lo largo de su rango distribucional.

FONDECYT 1120872

89. ¿EXISTE SELECCIÓN FENOTÍPICA MEDIADA POR POLINIZADORES EN LA ESPECIE GENERALISTA *ALSTROEMERIA LIGTU* VAR. *SIMSII*? (Are there pollinator-mediated selection in the generalist species *Alstroemeria ligtu* var. *simsii*?)

González, A. V.¹, Salinas, P.¹, Murúa, M.¹, ¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La evolución floral ha sido vista como una respuesta a la selección ejercida por un polinizador. Sin embargo, la mayoría de las angiospermas son generalistas, es decir, visitadas por múltiples polinizadores. Consecuentemente, su importancia relativa como agentes selectivos puede variar entre poblaciones, conduciendo a diversos escenarios evolutivos. La herbácea *Alstroemeria ligtu* var. *simsii* es una especie de amplia distribución en Chile central, autoincompatible y generalista, cuyos polinizadores varían espacial y temporalmente. Con el objetivo de determinar la existencia de selección fenotípica mediada por estos diferentes ensambles de polinizadores, este estudio caracterizó el fenotipo floral de 200 plantas en 10 poblaciones. Paralelamente, se cuantificó las tasas de visita de sus polinizadores y se determinó su relación causal con los rasgos florales mediante análisis multivariados (EQS y GLM). Los resultados muestran selección fenotípica en dos rasgos florales: largo del tubo floral y guía de néctar, en 3 de las 10 poblaciones estudiadas. En ellas, el análisis multivariado EQS reveló ausencia de relación causal entre la tasa de visita y adecuación biológica. No obstante, regresiones múltiples muestran que es el polinizador principal el que se relaciona significativamente con los diversos rasgos florales estudiados. A la luz de estos resultados, es posible sugerir que en *A. ligtu* var. *simsii* los polinizadores principales están ejerciendo presiones selectivas sobre los caracteres florales, pero la presencia de múltiples polinizadores en el ensamble podría estar diluyendo estos efectos selectivos, impidiendo detectar un efecto directo en la adecuación biológica, y generando escenarios evolutivos complejos de naturaleza población dependiente. Fondecyt 11110120.

90. CONSECUENCIAS DE LA EXTINCIÓN DE POLINIZADORES SOBRE LA ESTRUCTURA DE LA INTERACCIÓN PLANTA-POLINIZADORES Y EL ÉXITO REPRODUCTIVO DE *ALSTROEMERIA LIGTU* (*ALSTROEMERIACEAE*). (Consequences of the extinction of pollinators on the structure of plant-pollinator interactions and reproductive success in *Alstroemeria ligtu* (*Alstroemeriaceae*)).

Durán, V.^{1,2}, Carvallo, G.³, González, A.¹, ¹Ciencias Ecológicas, Ciencias, Universidad de Chile. ²CECPAN Centro de Estudio y Conservación del Patrimonio Natural. ³Instituto de Biología, Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. (Sponsored by Alejandra Paola González Vásquez)

Las interacciones planta-polinizador son esenciales para la persistencia de los ecosistemas y en la actualidad se encuentran amenazadas por acciones antrópicas. Numerosos modelos han analizado cómo la extinción de polinizadores afecta el éxito reproductivo de plantas a nivel de comunidades. Sin embargo, esta aproximación enmascara los mecanismos que subyacen a estas extinciones, efecto del gran número de especies involucradas a este nivel. Con el objetivo de dilucidar los factores implicados en este proceso, evaluamos la respuesta de poblaciones ante la pérdida de interacciones. A través de la teoría de redes, caracterizamos la estructura de las interacciones planta-polinizadores de diez poblaciones de la herbácea endémica *Alstroemeria ligtu* var. *simsii* (*Alstroemeriaceae*), determinando la conectancia, anidamiento y centralidad de las redes; estos estadígrafos fueron relacionados con el número de semillas y proporción semillas/óvulo de las plantas. Observamos una relación positiva y significativa entre la centralidad y el éxito reproductivo. Posteriormente, en cada población se simuló la extinción de los polinizadores más y menos abundantes de forma independiente. Encontramos que la estructura de la red varió según la identidad de las especies removidas, donde los valores de centralidad disminuyeron al extinguir polinizadores más abundantes, sugiriendo la disminución del éxito reproductivo de *A. ligtu*. La

aproximación utilizada en este trabajo permitió identificar para cada localidad las consecuencias de la pérdida de polinizadores, posibilitando generar estrategias de conservación particulares para cada población. Fondecyt 11110120

91. SISTEMA DE REPRODUCCIÓN EN LA JAIBA *METACARCINUS EDWARDSII*: APAREAMIENTO POLIÁNDRICO CON MONOGAMIA GENÉTICA. (Reproductive system in crab *Metacarcinus edwardsii*: polyandry mating with genetic monogamy.)

Rojas, N.¹, Pardo, L.M.², Fuentes, J.P.², Riveros, M.², Veliz, D.¹, ¹Departamento de Ciencias Ecológicas e Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ²Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. (Sponsored by Irma Vila Pinto)

Un rasgo característico de *Eubrachyura* es la presencia de receptáculos seminales, estructuras especializadas en el almacenamiento de espermios, permitiendo estrategias de poliandria y dando la posibilidad de fecundación múltiple. En este estudio se describe el sistema de reproducción de la jaiba comercial *Metacarcinus edwardsii* en tres niveles 1) a nivel conductual, mediante experimentos de apareamiento; 2) a nivel de órgano, por medio de cortes histológicos de receptáculo seminal y, 3) a nivel molecular, evaluando la posible múltiple paternidad mediante análisis de microsatélites. La conducta de apareamiento múltiple así como los numerosos receptáculos conteniendo más de un eyaculado demuestran la poliandria. Sin embargo, contrario a lo esperado por apareamiento múltiple, los análisis genéticos indican, en todos los casos analizados, que un solo macho es el progenitor de la camada de huevos de una hembra. Todos estos resultados son independientes a la presión de pesca del sitio de muestreo, sugiriendo que la razón de sexo no es un factor determinante del número de encuentros entre machos y hembras ni del tipo de paternidad. En consecuencia, el sistema de apareamiento de *M. edwardsii* se define como poliándrico con monogamia genética, de manera que la competencia espermática tendría un rol de gran importancia en la reproducción de esta especie. Fondecyt 1110445, ICM P05-002 y PFB-23

92. GENÉTICA DE LA INVASIÓN DE *ONCORHYNCHUS TSHAWYTSCHA* EN LA PATAGONIA CHILENA Y ARGENTINA. (Invasion genetics of *Oncorhynchus tshawytscha* in the Chilean and Argentinean Patagonia)

Cañas-Rojas, D.¹, Riva-Rossi, CM.², Ciano, JE.², Pascual, MA.², Gomez-Uchida, D.¹, ¹Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Centro Nacional Patagónico, Blvd. Brown 2915, 9120 Puerto Madryn, Chubut, Argentina. Grupo de Estudios de Salmónidos Anádromos. (Sponsored by Daniel Gomez Uchida)

En este trabajo evaluamos la estructuración genética entre poblaciones de salmón Chinook (*Oncorhynchus tshawytscha*), una especie invasora que habita ríos de la Patagonia producto de múltiples introducciones, principalmente desde el Hemisferio Norte y de diferentes orígenes geográficos. Aunque el origen de las poblaciones en Chile está bien documentado, el origen de las poblaciones de Argentina es ambiguo (introducción directa o dispersión natural desde Chile). Utilizando 190 polimorfismos de único nucleótido (SNPs) se determinó la diversidad y divergencia genética dentro y entre las poblaciones de Chile y Argentina. Nuestros análisis de asignación individual sugieren la existencia de tres grupos poblacionales: X región (ríos Petrohué y Pichicolo), XI-XII Región (ríos Cobarde, Vargas, Serrano y Prat) y Argentina (ríos Caterina y Santa Cruz). Sumado a una baja diversidad genética en las poblaciones de Argentina, nuestros resultados indican un proceso de colonización reciente a partir de un bajo número de individuos, posiblemente desde Chile. Globalmente,

nuestros análisis revelan estructuración genética producto de la historia de introducción de la especie, además de procesos de dispersión entre poblaciones de la XI y XII Región.

FONDECYT 1130807, FONDAP 15110027

93. EFECTO DE UN AUMENTO POBLACIONAL EXPLOSIVO SOBRE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE *OCTODON DEGUS* EN EL PARQUE NACIONAL FRAY JORGE. (Effect of a population outbreak on genetic diversity of *Octodon degus* in Fray Jorge National Park)

Oda, E.¹, Poulin, E.¹, Vasquez, R.¹, ¹Ciencias Ecológicas, Ciencias, Universidad de Chile.

Algunas especies de roedores sufren aumentos explosivos en su tamaño poblacional (outbreak) de forma periódica. Estos eventos son conocidos como “ratadas” y generalmente ocurren debido al aumento en la producción primaria del sistema, lo que permite la reproducción y sobrevivencia de un gran número de individuos en un corto período de tiempo, luego del cual ocurre una drástica disminución en el tamaño poblacional (breakdown). Las consecuencias microevolutivas de estos eventos han sido estudiadas en relación a cambios en rasgos de historia de vida, pero las consecuencias a nivel genético han sido escasamente consideradas. *Octodon degus* es una especie de roedor endémico de Chile, que presenta eventos de ratadas asociados al fenómeno de El Niño (ENSO). Estos crecimientos poblacionales se asocian a la mayor cantidad de lluvias en años ENSO, lo que genera una mayor producción de semillas y brotes, principal fuente de alimento de este micromamífero. En este estudio evaluamos las consecuencias genéticas de una explosión demográfica de *Octodon degus*. Para esto utilizamos 6 loci microsatélites, los cuales fueron analizados antes y después del ENSO de 1997-1998 en una población del parque nacional Fray Jorge. Los resultados muestran variaciones entre los años evaluados, tales como la aparición de nuevos alelos, diferencias en índices de diversidad y señales de eventos demográficos. Estos cambios podrían estar ocurriendo debido a la migración de individuos durante la época de crecimiento poblacional y a la pérdida de alelos producto del breakdown demográfico posterior.

ICM-005-002, PFB-23-CONICYT, FONDECYT 1140548

94. ESTRUCTURA DE PERIODICIDADES ESTOCÁSTICAS SELECTIVAS DE DINUCLEÓTIDOS EN PRO Y EU CARIOTES (The structure of selective stochastic dinucleotide periodicity among pro and eu karyotes)

Valenzuela, CY¹, ¹Programa de Genética Humana, Medicina, Universidad de Chile.

Los estudios de las periodicidades de las distancias al azar de las distribuciones de dinucleótidos cuyas bases están separadas por 0, 1, 2, 3... K sitios nucleotídicos, han revelado que estas periodicidades nada tienen que ver con las periodicidades de secuencias de bases y se deben a las interacciones periódicas entre nucleótidos cuyas fuerzas de asociación, medidas por el chi-cuadrado de distancia al azar, varían periódicamente si la separación entre las bases es (3K-1), (3K) y (3K+1) en procariotes. El análisis de genomas completos de eucariotes ha revelado que hay periodicidades débiles con periodos 2K y 6K. La estructura de las periodicidades y la variación de los signos de desviación desde el azar son propias de cada dinucleótido. Estas periodicidades se dan en todo el genoma. En procariotes hay valores significativos hasta separaciones de 6.000K y en *H sapiens* hasta de 15.000.000K. Esto revela que hay una interacción selectiva en todo el genoma dada por la coadaptación de todas sus bases, lo que hace imposible la factualidad de las teorías neutral y casi-neutral de la evolución, y muestra como única interpretación a la teoría sintética de la evolución.

BOTÁNICA

96. UTILIZACIÓN DE TÉCNICAS HISTOLÓGICAS EN MUESTRAS DE CESTERÍA CONFECCIONADA CON FIBRA VEGETAL, HALLADAS EN CONTEXTOS ARQUEOLÓGICOS FUNERARIOS DEL PERIODO FORMATIVO, EN REGIÓN DE ANTOFAGASTA. (Use of histological techniques in basketry samples made with plant fibers, found in archaeoological grave sites of the formative period in the region of Antofagasta.)

Berrios, C., Valenzuela, G⁴, Estévez, D¹, Cabello, G.², Gallardo, F.³, Naulin, P⁴, ¹Arqueología, Patrimonio Cultural y Educación, Universidad SEK-Chile.²Arica Centro de Investigaciones del Hombre en el Desierto.³Santiago Museo Chileno de Arte Precolombino.⁴Silvicultura y Conservación de la Naturaleza, Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile. (Sponsored by Paulette I. Naulin)

En contextos fúnebres de pueblos prehispánicos fueron depositados cestos confeccionados con fibras vegetales. Los órganos vegetales están cubiertos por una o varias capas de células conformando la epidermis con distintos tipos celulares y la cutícula, que permite la protección y resistencia del tejido a la descomposición (Zamora, 2010). Usando técnicas microhistológicas en el material recuperado en sitios funerarios localizados entre la Península de Mejillones por el sur y la desembocadura del río Loa por el norte, se espera determinar si los macrorestos pueden ser identificados taxonómicamente. Fragmentos vegetales correspondientes a cestería hallada en seis sitios funerarios excavados y plantas vasculares que se desarrollan en las zonas adyacentes, fueron diafanizadas y microfotografiadas. Se compararon epidermis obtenidas de las piezas arqueológicas y de las plantas colectadas. Resultados preliminares corroboran la factibilidad de extraer tejido epidermal en todas las piezas tratadas a pesar de presentar evidente estado de descomposición, se reconocieron distintos componentes celulares: estomas, fibras, glándulas y células epidermales. Se concluye que la extracción y caracterización del tejido epidermal de macrorestos arqueológicos permitiría la determinación del origen vegetal de las diferentes piezas de cestería utilizadas por las sociedades cazadoras-recolectoras y pescadoras del período Formativo en la costa norte de Antofagasta.

Fondecyt 1110702

96. DISTRIBUCIÓN ESPACIAL DE TRICOMAS EN LOS SÉPALOS DE *OENOTHERA ACAULIS* CAV. Y SU ESTRATEGIA REPRODUCTIVA. (Spatial distribution of trichomes on sepals of *Oenothera acaulis*, and its reproductive strategy)

Valenzuela, G., Galaz, CCP³, Castro, B¹, Villagra, CA², Naulin, P³, ¹Biología, Ciencias, Universidad de Chile. ²Instituto de Entomología Universidad Metropolitana de Ciencias de La Educación. ³Silvicultura y Conservación de la Naturaleza, Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile. (Sponsored by Paulette I. Naulin)

Las estructuras reproductivas en plantas deben enfrentar factores abióticos y bióticos. Las plantas presentan distintos rasgos que pueden reducir el daño asociado, encontrándose tipos celulares específicos, ejemplo de ellos son los tricomas en los sépalos de la *Oenothera acaulis* Cav (Onagraceae). Se distribuye desde la Región de Coquimbo hasta Chiloé y desde el nivel del mar hasta el nivel subnival cordillerano existiendo gran variación morfológica dentro de este rango. Proponemos que la amplia distribución geográfica podría afectar la variación estructural y espacial de los tricomas florales. El objetivo es evaluar si existe un patrón de distribución espacial en los tricomas ubicados en los sépalos de *O. acaulis* y relacionarlo con el tamaño y densidad de estos. Se utilizaron sépalos de 20 individuos extraídos en cinco sitios distribuidos en la zona central de Chile, tanto costeros (Los Molles, Mirasol y La Boca), como cordilleranos (Farellones y Lagunillas). Estas muestras se diafanizaron y microfotografiaron, posteriormente se midieron las dimensiones con el programa ImageJ y se

aplicó la función de distribución espacial K de Ripley. En general los tricomas se distribuyen aleatoriamente, existiendo un compromiso entre tamaño y densidad de los tricomas, sin embargo esto no afecta a su distribución espacial.

97. VARIACIÓN DE RASGOS MORFOANATÓMICOS DE HOJAS DE Ugni MOLINAE TURCZ. DE DISTINTAS PROCEDENCIAS EN UN JARDÍN COMÚN. (Variation in morpho-anatomical traits in leaves of *Ugni molinae* from different origins in a common garden)

Peña, J¹, Díaz, S¹, Delporte, C¹, Seguel, I², Naulin, P¹, ¹Silvicultura y Conservación de la Naturaleza, Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile. ²Carillanca, Región de la Araucanía, INIA. (Sponsored by Paulette I. Naulin)

Varias especies vegetales de amplia distribución se han adaptado a los diversos ambientes, como es el caso de *Ugni molinae* Turcz. El gradiente ambiental puede relacionarse con la modificación estructural de los rasgos anatómicos de los sistemas de tejidos que constituyen a los organismos. El presente estudio preliminar caracteriza la variación morfo-anatómica de hojas de *Ugni molinae* Turcz de distintas procedencias dentro de su amplia distribución. Se utilizaron tres hojas de 10 individuos de *U. molinae* desarrolladas dentro de un jardín común; fueron fijadas, deshidratadas e incluidas en parafina. Se cortaron (18 µm) y tiñeron en safranina-fastgreen. Posteriormente fueron microfotografiadas y medidas con el programa ImageJ. Las variables medidas corresponden al espesor total de la hoja, clorénquima y aerénquima, como también de la epidermis adaxial y abaxial. Los datos de sometieron al análisis de caja en el programa R. Los resultados mostraron diferencias en el grosor de la epidermis abaxial, aerénquima y espesor total. De las procedencias estudiadas el sector de Coñaripe (cordillera de los Andes) muestra diferencia con las distribuciones más costeras. Se concluye que hay diferencias en los tejidos de las hojas de los individuos que se desarrollan en un gradiente ambiental explicado por su acervo genético.

98. DIFERENCIAS MORFOANATOMICAS EPIDERMIALES FOLIARES A LO LARGO DE LA DISTRIBUCIÓN DE Ugni MOLINAE TURCZ. (Morpho-anatomical foliar epidermal differences along the geographic distribution of *Ugni molinae*.)

Díaz, S³, Hernández, C³, Peña, J³, Delporte, C¹, Seguel, I², Naulin, P³, ¹Química Farmacológica y Toxicológica, Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile. ²Carrillanca, Región de la Araucanía, INIA. ³Silvicultura y Conservación de la Naturaleza, Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile. (Sponsored by Paulette I. Naulin)

La amplia distribución geográfica de *Ugni molinae* Turcz. (VI - X Región) puede generar diferencias en rasgos epidermales entre poblaciones. Interesa observar variaciones genéticas y/o ambientales de los rasgos. Se compararon características epidermales foliares de distintos individuos, provenientes de un banco de germoplasma (INIA, Carillanca) y de poblaciones a lo largo de su distribución. Las hojas fueron diafanizadas y microfotografiadas. Se cuantificaron las dimensiones de los complejos estomáticos y la densidad estomática en un mm² medidas con el programa ImageJ. Las variables fueron analizadas con el programa R. Se aplicó la prueba Shapiro-Wilk para determinar la normalidad de los datos (p-value<0.0001), posteriormente un análisis de varianza no paramétrico (Kruskal-Wallis) entre las distintas poblaciones. La variable densidad estomática posee diferencias significativas (p-value<0.05) siendo mayor la dispersión de los datos en poblaciones naturales (379 - 929 estomas/mm²) que las desarrolladas en el banco de germoplasma (485 - 707 estomas/mm²). Se concluye que los individuos de las poblaciones a lo largo de su distribución natural poseen una variabilidad mayor en los rasgos evaluados que los obtenidos del jardín común, observando que existiría un porcentaje de la varianza explicado por la genética, el cual aumenta en un contexto de distribución natural.

99. ESTUDIO PRELIMINAR DE FIBRAS VEGETALES PRESENTES EN ARTESANÍAS DEL MUSEO DE ARTE POPULAR AMERICANO TOMAS LAGO (MAPA) (Preliminary study of plant fibers found in crafts at the Tomas Lago Museum of American Popular Art)

Herrera, F¹, Valenzuela, G¹, Martínez, L², González, N², Naulin, P¹, ¹Silvicultura y Conservación de la Naturaleza, Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile. ²Museo de Arte Popular Americano Tomás Lagos, Artes, Universidad de Chile. (Sponsored by Paulette I. Naulin)

Los objetos de arte popular confeccionadas a mano con fibras vegetales utilizan técnicas de entramado, dando forma a diversas piezas extraídas de las plantas, tanto de carácter utilitario como decorativo. La epidermis conformada por células epidermales y especializadas como estomas y tricomas (Zamora, 2010) es uno de los diferentes tejidos presentes en las plantas, compuestas por una o varias capas de células que otorgan protección, entre otras funciones (Molist et al, 2011). El presente estudio aplica técnicas microhistológicas en cestería sudamericana confeccionada con diferentes fibras vegetales y preservadas en MAPA por su valor socio-cultural. Los fragmentos vegetales de 12 piezas del MAPA fueron tratados con el método propuesto por Dizeo de Strittmatter (1973), microfotografiadas y medidas con el programa Image J. Las variables medidas fueron la densidad y dimensiones de las células epidermales y estomas. Se aplicó análisis de caja y regresión logística ordinal para evaluar la variación y significancia de las variables. Resultados preliminares indican que es posible extraer tejido epidermal de todas las piezas tratadas y las variables: ancho de células y estomas, largo de estomas y densidad de células epidermales mostraron diferencia significativa entre las piezas, por tanto existen variables que permitirían la determinación del origen botánico.

100. PRESENCIA DE LIGNOTUBER EN ESPECIES MEDITERRÁNEAS DE LA ZONA CENTRAL DE CHILE (Presence of lignotuber in mediterranean species of central Chile)

Galaz, CCP², Valenzuela, G.², Paula, S.¹, Naulin, P², ¹Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Ciencias, Universidad Austral de Chile. ²Silvicultura y Conservación de la Naturaleza, Ciencias Forestales, Universidad de Chile. (Sponsored by Paulette I. Naulin)

El rebrote (i.e., la regeneración vegetativa de la biomasa aérea tras una perturbación) es un rasgo generalizado entre las plantas terrestres, apareciendo en múltiples linajes y ecosistemas. Existen distintos tipos de mecanismos de rebrote, en función de la localización del banco de yemas (e.g., rizomas, bulbos, yemas epicórmicas, etc), que si bien pueden tener un mismo significado ecológico (i.e., regeneración post-perturbación), posiblemente son el resultado de diferentes caminos evolutivos. El lignotuber es un mecanismo de rebrote común en especies mediterráneas y ha sido descrito para especies de diferentes géneros como *Eucalyptus*, *Quercus*, *Banksia*, etc. Se ha propuesto que esta estructura es muy frecuente en el matorral chileno, incluso más que en otras regiones mediterráneas. Este estudio busca confirmar la presencia del lignotúber en 18 especies mediterráneas de la zona central de Chile. Para ello, se realizaron estudios morfo-anatómicos de la zona comprendida entre la primera rama y la primera raíz de plántulas de entre 1 y 5 años de edad. Los resultados morfológicos muestran que sólo *Cryptocarya alba* y *Sophora macrocarpa* presentan acumulación de yemas en el estado ontogenético estudiado. Tan sólo en *C. alba* se encontraron yemas bajo estructuras de protección, en particular la peridermis. Se concluye que no existe soporte morfo-anatómico de existencia generalizada de lignotúber en las especies leñosas del matorral chileno, al menos en los primeros años de edad, confirmándose sólo en el caso de *C. alba*.

Fondecyt 1120458

101. DIVERSIDAD Y ABUNDANCIA DE UNA COMUNIDAD LIQUÉNICA ANTÁRTICA EN SITIOS POBRES EN NUTRIENTES DE LA PENÍNSULA FILDES (Diversity and abundance of Antarctic lichen community in poor nutrient sites of Peninsula Fildes)

Caballero, V.¹, Casanova-Katny, A.¹, ¹Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. (Sponsored by María Angélica Casanova Katny)

La flora antártica está dominada por elementos criptogámicos, siendo los líquenes los que dominan el paisaje de las zonas libres de hielo. La Península Fildes presenta una variada flora líquénica, con más de 100 especies, la cual forma comunidades en sitios ricos en nutrientes, cercanos a colonias de pingüinos, así como también en sitios pobres en nutrientes, pues existen especies que no toleran los suelos excesivamente nitrogenados. Pocos estudios se han llevado a cabo en estos últimos, por lo que se determinó cuáles son las especies que componen y dominan las comunidades líquénicas asociadas a dichos suelos. Para ello se realizaron muestreos en dos sitios alejados de pingüineras en Península Fildes, en los cuales se dispusieron cuadrantes de 50 × 50 cm al azar, para determinar la diversidad, biomasa, riqueza y cobertura de las especies. Se encontró que las especies frutícolas más comunes son *Usnea aurantiacoatra*, *Himantormia lugubris*, *Sphaerosporus globosus*, *Cladonia* sp. y *Coelopogon epiphorellus*, siendo las dos primeras especies las más abundantes en ambos sitios. La biomasa promedio alcanza los 508 g/m². Esto indica que *U. aurantiacoatra* y *H. lugubris* son las especies nitrófilas que presentan una mayor biomasa y abundancia en Península Fildes.

Este estudio fue financiado por los proyectos FONDECYT 1120895 e INACH FR0112.

102. UNDESIRABLES RESIDUES OF ANTIBIOTICS IN CHILEAN NATIVE HONEYS: MODIFICATION OF NATURAL PROPERTIES

Mejias, E.¹, Montenegro, G.¹, ¹Ciencias Vegetales, Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Chilean honeys are produced from several native vegetables species with interesting biological properties such as antioxidant and antiradical activities. Those attributes are related with the phenolic compounds of honeys.

In many cases, it is possible too to find certain kind of undesirable chemical compounds owing to the treatments for improving the production of honeys and other bee products. This fact may affect the original properties of a given honey.

Samples of Chilean unifloral honey were obtained from different zones of Chile. The screening of the content of veterinary drugs and the phenolic profiles of honeys were obtained by UPLC- MS/MS. The Folin-Ciocalteu reagent was used for total phenolic compounds determination. The analysis of the antioxidant and antiradical activities were made by colorimetric methods (FRAP and DPPH).

Also, a group of honeys with no antibiotic content were fortified with increasing amounts of one of the following tetracyclines: Tetracycline, Oxytetracycline, Doxycycline or Chlortetracycline in order to obtain an assessment of the changes in the phenolic profiles and the antioxidant power. In this work, the results of the detection of the residual presence of veterinary drugs are showed and the correlation with the modification of the early antioxidant properties of the analyzed honeys is discussed

Funded by INICIO VRI-PUC 16/2013 Grant to Dr. Enrique MEJIAS

103. FOTOINHIBICIÓN DURANTE LA SENESCENCIA FOLIAR EN *FRAGARIA CHILOENSIS* (L.) DUCH. BAJO DOS CONDICIONES DE RIEGO (Photoinhibition in senescing *Fragaria chiloensis* (L.) Duch. leaves, from plants under two irrigation regimes)

Quezada, M.P.¹, Pastenes, C.¹, ¹Laboratorio de Fisiología del Estrés en Plantas, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile. (Sponsored by Claudio Pastenes Villareal)

Fotoinhibición es la reducción en la capacidad fotosintética debido al fotodaño del fotosistema II (PSII) o a mecanismos de fotoprotección, y es potenciada por estreses, como el hídrico. La fotoinhibición puede afectar negativamente procesos como la senescencia foliar. Esta última es importante para la removilización y reciclado de nutrientes. El objetivo de este estudio fue determinar la fotoinhibición (Fv/Fm) durante la senescencia foliar bajo dos condiciones de riego: óptimo (RO) y déficit hídrico controlado, (DHC), en plantas de *Fragaria chiloensis* (L.) Duch. Se identificaron cinco estados de madurez foliar, desde una hoja madura (E1) hasta niveles avanzados de senescencia (E2, E3, E4, E5). Los E1, E2 y E3, bajo DHC, presentaron una disminución en fotosíntesis neta, transpiración y conductancia estomática, respecto a RO, sin embargo no presentaron fotoinhibición. Los mayores niveles de fotoinhibición se encontraron en E4 y E5 en plantas con DHC, pero con recuperación total luego de toda la noche en oscuridad. El contenido de clorofila y carotenoides totales fue mayor en los estados de senescencia de plantas con RO, mientras que no se encontró diferencias significativas en el contenido de xantofilas entre tratamientos de riego. La senescencia no conlleva fotoinhibición en riego óptimo. Bajo estrés, existe fotoinhibición no crónica, y posiblemente la disminución de pigmentos fotosintéticos, es la adaptación más importante. Estos resultados se discutirán en relación a la expresión de genes relacionados a la senescencia y al estrés hídrico.

104. ANALISIS IN-SILICO DE EST\’S DE *LOLIUM PERENNE*: GENES BLANCOS INVOLUCRADOS EN EL MECANISMO DE RESPUESTA FRENTE A LA TOXICIDAD DE AL⁺³ E INDUCIDA POR LA ADECUADA NUTRICION DE SULFATO. (*In-silico* analysis of *Lolium perenne* EST’s: Putative target genes involved in the response mechanisms against Al⁺³-toxicity and induced by adequate sulphate supply)

Vera, H.¹, Mercado, A.², Wulff Zotte, C.², ¹Departamento Biomedico, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta. ²Departamento de Biotecnología y Ciencias de los Alimentos, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta. (Sponsored by Proyecto FONDECYT 1130655)

Al³⁺-toxicity, as a consequence of soil acidity, causes the disruption in physiological functions of the nutrient uptake and root development in several crop species, such as perennial ryegrass (*L. perenne*). Gypsum amendments cause the reduction of Al³⁺-toxicity by the chemical formation of AlSO₄⁺ complex in soil. However, the enhancement of plant physiological responses against Al³⁺-toxicity by an adequate sulphur supply is not well understood yet. Reactive oxygen species (ROS), as a consequence of Al³⁺-toxicity, cause the damage of biological membranes and proteins in plant tissues. Subsequently, one of the first defense mechanisms consists in the up-regulation of ROS scavenging enzymes that reduce ROS damage of biological membranes and proteins. In *L. perenne* the number of annotated sequences is low, and the possibility to elaborate specific primers for gene expression profiling related with ROS scavenging systems, sulphate metabolism pathway, and Al³⁺-toxicity reduction, is difficult. The present work shows the *in-silico* analysis of 22 *Lolium perenne* EST’s that encodes for genes involved in ROS scavenging reactions, sulphate assimilation pathway, and proteins involved resistance and tolerance

mechanisms against Al^{3+} -toxicity. BLAST analysis demonstrated that the EST's sequences of *L. perenne* displayed a high identity, and homology, with gene sequences of other *Poaceae* species, such as wheat and rice. Furthermore, *in-silico* analysis confirmed the presence of conserved domains related with genes involved in oxidative stress by the prediction of open reading frames (ORF). The length of the sequences allowed the elaboration of GOs annotations and predicted associations with metabolic pathways of the Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG).

This work was supported by the chilean scientific grant funds FONDECYT N° 1130655

105. EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE ASCORBATO PEROXIDASA (APX) INDUCIDAS POR TOXICIDAD DE Al^{3+} APLICADO CORTO PLAZO EN BALICA PERENNE (*L. PERENNE*) CULTIVADA EN DIFERENTES CONDICIONES DE FERTILIZACIÓN DE SULFATO (Differential pattern of Ascorbate Peroxidases (APX) induced by short-term Al^{3+} -toxicity in perennial ryegrass (*Lolium perenne* cv. Jumbo) cultivated in different sulfate supply conditions.)

Vera, H¹., Vega, C.¹, Galvez, A.¹, Mercado, A.², Wulff Zotte, C.²,¹Departamento Biomedico, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta.²Universidad de Antofagasta 3. Centro de Investigación Científico Tecnológico para la minería (CICITEM), (Sponsored by Proyecto FONDECYT 1130655)

Al^{3+} toxicity causes the disruption in physiological functions of the nutrient uptake and development of root tissues in perennial ryegrass (*L. perenne*). A common agricultural practice that reduces the effects of Al^{3+} toxicity in crops consists in the addition of gypsum in acid soils. Gypsum amendment causes the reduction of Al^{3+} toxicity by the $AlSO_4$ formation in the soil and the enhancement of plant physiological responses against the Al^{3+} . ROS derived damage of biological membranes and proteins, are resulting effects of Al^{3+} toxicity in plant tissues. Previous studies in our group demonstrated that different conditions of sulfate supply affect the antioxidant pathways and subsequently the enhancement of the response against the long-term Al^{3+} toxicity in perennial ryegrass (1). Probably in *L. perenne* exists different patterns of gene up-regulation of ROS scavenging enzymes, as a consequence of Al^{3+} toxicity, that are regulated by the homeostatic conditions of sulfate uptake and metabolism. This comprises the antioxidant enzymatic activities and the antioxidant metabolites involved in the Halliwell-Asada ROS scavenging pathway. In this study, the enzymatic activity of ascorbate peroxidase (APX) and the concentration of Ascorbate (AsA) and dehydroascorbate (DHA) were analyzed, in root tissues of *L. perenne* plants cultivated at increased conditions of sulfate supply. The results show that increased sulfate supply causes up-regulation in the gene expression of APX that is finally reflected in a rising of the enzymatic activity of an Al^{3+} -induced APX in shoot and root tissues of *L. perenne*. Subsequently, the differential pattern of APX activity is reflected in the ratio of AsA and DHA determined Al^{3+} -treated plants.

This work was supported by the chilean scientific grant FONDECYT N° 1130655

106. RESPUESTAS FISIOLÓGICAS Y BIOQUÍMICAS DE BALICA PERENNE A DOSIS INCREMENTADAS DE MANGANESO (MN) BAJO CONDICIONES DE ACIDEZ (Physiological and biochemical responses of perennial ryegrass at increasing manganese (Mn) doses under acid conditions)

Jimenez, D.¹., Reyes-Diaz, M.^{2,3}, Inostroza-Blancheteau^{4,5} C., Deppe, M.^{6,7}, Demanet, R.⁸, Alberdi, M.^{2,3},¹Carrera de Bioquímica, Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Universidad de La Frontera.²Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Universidad de La Frontera.³Center of Plant, Soil Interaction and Natural Resources Biotechnology Universidad de La Frontera.⁴Núcleo de Investigación en Producción Alimentaria (NIPA-UCT) Universidad Católica de Temuco.⁵Escuela Agronomía-Facultad de RRNN Universidad Católica de Temuco.⁶Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Medicina, Universidad de La Frontera.⁷Center of Biotechnology on Reproduction Center (CEBIOR) Universidad de La Frontera.⁸Departamento de Producción Agropecuaria, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Universidad de La Frontera. (Sponsored by Miren Alberdi Lag)

Perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) is dominant forage in acid soils (Andisols) of southern Chile. Due to acidity the essential micronutrient manganese (Mn), which participate in several metabolic processes, becomes in excess, being toxic for plants. Mn-toxicity exacerbates the production of reactive oxygen species (ROS) and oxidative damage, reducing growth. The effect of increasing doses of Mn (control, 50, 150, 350 and 750 μM) on physiological and biochemical features were evaluated in ryegrass var. One-50 for 15 d under controlled conditions. Taylor-Foy nutrient solution (pH=4.8) was used and the Mn in the treatments were supplied as $MnCl_2$. The nutrient solution of control plants contained 2.4 μM Mn (optimal supply for ryegrass). Relative growth rate (RGR) of shoot was reduced about 30% at the highest Mn-dose, increasing lipid peroxidation, which was lower at intermediate Mn-treatments. Antioxidant capacity (AC) increased progressively from the lowest Mn-doses, being 5-fold higher at the highest Mn-treatment respect to control. Phenols arise 50% at the highest Mn-treatment, whereas chlorophyll decreased. It is concluded that AC is able to reduce oxidative damage only at the intermediate Mn-treatment. The highest Mn-treatment showed reduction of RGR and Mn-toxic visual signs.

Acknowledgments: Fondecyt 1141250, DI-13-2019

107. ACTIVIDAD DE FOSFOENOLPIRUVATO CARBOXILASA (PEPC) EN RAÍCES PROTEOÍDEAS DE DOS PROTEACEAE QUE DIFIEREN EN SU BIOMASA DE RAÍCES: *EMBOTHRUM COCCINEUM* (NOTRO) VS. *GEVUINA AVELLANA* (AVELLANO)
(Phosphoenolpyruvate Carboxylase (PEPC) Activity In Proteoid Roots Of Two Proteaceae That Differ In Root Biomase: *Embothrium Coccineum* Vs. *Gevuina Avellana*)

Vicencio, I.¹., Fernández, R.¹, Shane, M.I.², Delgado, M.¹, Zúñiga, A.¹, ¹Ciencias Ambientales y Evolutivas, Ciencias, Universidad Austral de Chile. ²Biology, Science, University of Western Australia.

Las raíces proteoideas (RP) se desarrollan en las especies de la familia Proteaceae que crecen en suelos deficientes en fósforo (P). Estas raíces exudan gran cantidad de carboxilatos, los cuales promueven la solubilización del P del suelo. Notro es una especie pionera que exuda grandes tasas de carboxilatos desde pequeñas RP, sin embargo, no se conoce cómo esta especie sostiene este drenaje de carbono. Avellano presenta mayor biomasa en las RP que Notro, pero no se ha explorado cómo estas raíces están funcionando. Fosfoenolpiruvato carboxilasa (PEPC) es una enzima clave en la aclimatación de plantas a la deficiencia de P. Esto incluye la producción de carboxilatos que son exudados por las RP. El objetivo de esta investigación fue caracterizar a PEPC en dos estados de desarrollo de las RP (pre-maduro y maduro) en Notro y Avellano. Para ello se midió la actividad específica de PEPC e inmunoblot. La actividad específica de PEPC en las RP de ambas especies fue mayor en el estado pre-maduro y ésta fue al menos en un orden de magnitud menor comparada con las raíces de otras especies. La cantidad relativa de PEPC no varió entre especies, aunque la concentración de proteína total fue mayor en RP de *E. coccineum*. En conclusión, la actividad específica de PEPC no parece estar relacionada con el tamaño de las RP. Esta actividad sigue un patrón similar en el desarrollo de las RP tal como se ha reportado en otras especies que forman RP.

Fondecyt 1130440

GENÉTICA

108. DIVERSIDAD CARIOTÍPICA DEL GÉNERO *ORESTIAS* : COMPARACION CITOGENÉTICA DE POBLACIONES DE *ORESTIAS* DISTRIBUIDAS EN LA CUENCA CAQUENA Y EN LA CUENCA DEL RIO LAUCA.

Salinas, V.¹. Vila, I., Lam, N.¹, Mendez, M.², Iturra, P.², ¹Programa de Genética Humana, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ²Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Orestias, es un género endémico de peces constituido por 46 especies distribuidas en el altiplano Sur. Las distintas especies presentan diversidad morfológica y genética vinculada a eventos vicariantes históricos y contemporáneos y a la variación histórica del nivel del agua que podría haber afectado a poblaciones del Plio-Pleistoceno.

Estudios citogenéticos en *Orestias* que se distribuyen en Chile, muestran variación en el número de cromosomas entre $2n=48$ y $2n=55$, caracterizados por la presencia de microcromosomas. Adicionalmente, se ha observado un patrón de distribución de la heterocromatina constitutiva característico de las especies de la cuenca del río Lauca comparadas con las del extremo sur del Altiplano (Salar de Ascotán).

El objetivo de este trabajo fue realizar una comparación citogenética entre poblaciones de *Orestias* localizadas en la cuenca Caquena y Lauca. Se obtuvo cromosomas de ejemplares provenientes de Humaquilca, Colpa, Surapalca y río Lauca. La caracterización citogenética se realizó mediante tinción con Giemsa, y los bandeos fluorescentes C y CMA_3 .

O. laucaensis presentó un $2n=50$ además de un par de microcromosomas. El bandedo C reveló el Par metacéntrico 1 completamente heterocromático, característico de las especies de la cuenca Lauca.

Las poblaciones de *Orestias* de la cuenca Caquena presentaron diversidad cariotípica. Los ejemplares de Colpa y Humaquilca presentaron un $2n=48$ más 1 ó 2 microcromosomas.

La población de Surapalca presentó un $2n=50$ más 1 microcromosoma.

El Bandedo C reveló un par de cromosomas de pequeño tamaño completamente heterocromático.

Las tres poblaciones presentaron el brazo corto del par 3 C+ y CMA_3 +

Este estudio incrementa la diversidad cariotípica en *Orestias* y apoya la hipótesis de la existencia de al menos dos linajes cromosómicos en este género.

Proyecto FONDECYT 1110243

109. EL CO-REPRESOR SKI SE LOCALIZA EN CROMOSOMAS MITÓTICOS Y REPRIME LA EXPRESIÓN DE UN GRUPO DE GENES, INCLUYENDO UN CLUSTER DE METALOPROTEINASAS DE MATRIZ (MMPs) EN EL CROMOSOMA 9. (The transcriptional co-repressor Ski localizes in mitotic chromosomes, repressing the expression of a group of genes, including a cluster of Matrix Metalloproteinases at chromosome 9.)

Pola, V.¹, Cappelli, C.¹, Sepúlveda, H.², Landeros, N.¹, Sagredo, A.¹, Vargas, C.¹, Urzúa, U.^{1,3}, Verdugo, R.^{1,3}, Montecino, M.², Armisen, R.^{1,3}, Tapia, J.^{1,3}, Marcelain, K.^{1,3}, ¹Programa de Genética Humana, ICBM, Medicina, Universidad de Chile. ²Centro de Investigaciones Biomédicas Universidad Andrés Bello. ³Centro de Investigación y Tratamiento del Cáncer, Medicina, Universidad de Chile. (Sponsored by Katherine Marcelain)

Ski es un co-represor transcripcional que recluta Desacetilasas de Histonas (HDACs) hacia los promotores de genes a silenciar. Resultados recientes muestran que Ski se localiza en regiones pericentroméricas de algunos cromosomas mitóticos de fibroblastos embrionarios de ratón (MEFs). El objetivo de este trabajo fue evaluar si esta localización de Ski en cromosomas mitóticos afecta la expresión génica una vez reanudado el ciclo celular. Para esto, se comparó, mediante Microarreglos de cDNA, la expresión génica en MEFs Ski^{-/-} y MEFs Ski^{-/-} +hSki sincronizados en G1 temprano. Se encontró que la presencia de Ski se relacionó con la represión de 161 genes, 75 de los cuales están localizados en las primeras 50Mb, estando un 65% de ellos, en los cromosomas 9, 13 y 17. Estos resultados fueron parcialmente validados por RT-qPCR y sugieren que Ski se localiza en estos cromosomas durante mitosis. Consistentemente, mediante inmunoprecipitación de cromatina (ChIP) se encontró que, durante mitosis, Ski ocupa los promotores de los genes más reprimidos en G1: MMP3, MMP10 y MMP13, los cuales se encuentran en la región pericentromérica del cr.9. Más aún, los MEFs Ski^{-/-} presentan una elevada actividad enzimática de MMP3 y actualmente se está evaluando si este aumento favorece las capacidades invasoras de estas células.

Estos resultados indican que la presencia de Ski en regiones pericentroméricas favorece una marcación epigenética que se establece durante mitosis y que reprimirá la expresión de diversos genes, incluidos los MMPs, en el siguiente ciclo celular.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1120222

110. CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE PACIENTES CON EPIDERMOLISIS BULOSA DE LA UNIÓN: BÚSQUEDA DE MUTACIONES FRECUENTES EN LA POBLACIÓN CHILENA (Genetic characterisation of patients with Junctional Epidermolysis Bullosa: searching for frequent mutations in the Chilean population)

Fuentes, M.I.^{2,1}, Repetto, G.¹, Yubero, J.², Morandé, P.², Palisson, F.², ¹Centro de Genética y Genómica, Medicina, Universidad del Desarrollo. ²DEBRA-Chile Fundación DEBRA.

Epidermolisis Bulosa (EB) se denominan un grupo de enfermedades hereditarias caracterizadas por su fragilidad excesiva de la piel y las mucosas, que al mínimo trauma produce dolorosas ampollas. Según donde se formen las ampollas, EB se clasifica en cuatro tipos: EBS, EBJ, EBD y SK. EB se caracteriza también por tener una gran variabilidad clínica y genética, lo que hace muy complejo su diagnóstico. Hace algunos años en Chile, un estudio de las mutaciones frecuentes en los pacientes con EBD logró crear un test de diagnóstico molecular específico, que por un bajo costo, diagnostica a más del 50% de los pacientes chilenos. Por otro lado, los estudios internacionales han demostrado que el 40% de los pacientes del mundo con EBJ pueden ser diagnosticados analizando sólo seis mutaciones frecuentes. Estas seis mutaciones se encuentran en los tres genes que codifican para la laminina 332, proteína esencial para mantener la adhesión entre la epidermis y la dermis. El objetivo principal de este proyecto era evaluar la incidencia de

éstas seis mutaciones frecuentes en los pacientes chilenos con EBJ. El análisis de éstas mutaciones en todos los pacientes chilenos con EBJ (22 pacientes) demostró que sólo una de las seis mutaciones está representada en ellos, en donde 3 de los 22 pacientes presentaron esta mutación en estado heterocigoto. Estos datos confirman una baja incidencia de éstas mutaciones en nuestra población y demuestran que los pacientes chilenos con EB presentan mutaciones diferentes a las del resto del mundo. Es así como en un futuro será necesario analizar la secuencia completa de los genes causantes de EBJ en Chile para así en un futuro desarrollar un test de diagnóstico específico para nuestra población.

Proyecto Interno Universidad del Desarrollo

111. ASOCIACIÓN DE LOS SNPS RS2910164 (miRNA-146A), RS3764444 (miRNA-499) Y RS1164913 (miRNA-196A) CON RIESGO DE CÁNCER DE MAMA FAMILIAR EN POBLACIÓN CHILENA. (Association between rs2910164 (miRNA-146a), rs3764444 (miRNA-499) and rs1164913 (miRNA-196a) SNPs with familial breast cancer risk in the Chilean population)

Arancibia, D.⁴, **Morales, S.⁴,** González-Hormazabal, P.⁴, Landeros, N.⁴, Fernández-Ramírez, R.¹, Grau, G.⁴, Reyes, J.M.², Bravo, T.³, Tapia, J.⁴, Jara, L.⁴, ¹Instituto de Investigación en Ciencias Odontológicas, Odontología, Universidad de Chile. ²Oncología Clínica Las Condes. ³Educación CONAC. ⁴ICBM, Medicina, Universidad de Chile.

La predisposición genética es el principal factor de riesgo para el desarrollo de cáncer de mama (CM). Recientemente se ha propuesto a las variantes (SNPs) en micro-RNA(s) (miRNA) como posibles factores de riesgo. El presente estudio analizó asociación entre los SNPs de miRNAs y riesgo de CM familiar BRCA1/2 negativo. Se genotipificó por TaqMan 475 casos y 790 controles. Se aplicó test de Fisher y odds ratio para estimar la fuerza de la asociación. Los resultados mostraron que el alelo G del rs3764444 es un factor protector para CM en mujeres con edad de diagnóstico temprano y sin historia familiar de CM (OR=5.2; IC 95% [0.2853 - 0.9598] p=0,03). Respecto del rs2910164, las mujeres con CM sin historia familiar de CM y portadoras del alelo C del rs2910164 u homocigotas CC presentaron aumento del riesgo de desarrollar CM de 1.47 y 2.33 veces respectivamente. En relación con el rs1164913, la condición portadora del alelo T(C/T+TT) tiene un efecto protector para CM familiar o esporádico con edad de diagnóstico ≤35 años (OR=0.66; IC 95% [0.5266 - 0.8245] p=0,0003). Las variables asociadas a riesgo para CM podrían derregular otros genes y así inducir tumorigénesis. Las variantes protectoras podrían disminuir la expresión de estos miRNAs y la capacidad invasiva y migratoria de las células malignas. FONDECYT 1110081

112. IMPLEMENTACIÓN DE UN NUEVO TEST DIAGNÓSTICO PARA LA ENFERMEDAD DE HUNTINGTON BASADO EN TP-PCR (TRIPLET PRIMED PCR) (Implementation of a new diagnostic test for Huntington's disease based on TP-PCR (Triplet Primed PCR))

Benavides, F.¹, Chana, P.², Benavides, O.², Repetto, GM.¹, ¹Centro de Genética y Genómica, Facultad de Medicina, Universidad del Desarrollo. ²Centro de Trastornos del Movimiento Universidad de Santiago de Chile.

El diagnóstico genético-molecular de la Enfermedad de Huntington (HD) requiere una gran exactitud en la determinación del número de repeticiones CAG en el gen *HTT*. Southern Blot es la técnica gold standard, que tiene un alto costo y requiere gran cantidad de tiempo y de material genético. Nuevas técnicas como PCR seguido de electroforesis capilar (EC) para determinar el número de CAG, disminuyen considerablemente el tiempo de procesamiento, pero con 2 limitaciones: 1) los alelos expandidos se pueden observar como falsos homocigotos debido a una no amplificación del mismo y 2) un error en la exactitud, debido la migración desigual de amplicones ricos en GC en la EC. Una nueva técnica, conocida como Triplet Primed PCR (TP-PCR), permite fácilmente distinguir homocigotos, además de muestras heterocigotas con y sin alelos expandidos. Se utilizó como controles positivos, 5 muestras de ADN provenientes de individuos diagnosticados la enfermedad, todas con genotipo conocido, obtenidas de Coriell Repositories (EEUU) y de la Universitäts Klinikum de Tübingen (Alemania). Se obtuvo un 100% de concordancia para cada alelo con una precisión de ± 1 CAG. Actualmente se han analizado 9 pacientes con diagnóstico clínico de la Enfermedad de Huntington, logrando obtener el genotipo de cada uno de ellos. La implementación de esta metodología permitirá el diagnóstico rápido y confiable de los pacientes con diagnóstico clínico de HD en Chile.

113. CIRUGIA REFRACTIVA LASIK INCREMENTA EXPRESION DE ISOFORMAS DE ALBUMINA EN FLUIDO LAGRIMAL: ESTUDIO LONGITUDINAL

López-Solís, R.¹, Traipe-Castro, L.², Toledo-Araya, H.¹, Salinas-Toro, D.², López, D.², Cáceres, A.¹, Varela, P.¹, Valenzuela, F.², ¹Biología Celular y Molecular-ICBM, Medicina, Universidad de Chile. ²Superficie Ocular Fundación Oftalmológica Los Andes-Santiago. (Sponsored by Proyecto FONDECYT 1110325)

La película lagrimal humana se organiza a partir de secreciones celulares y tisulares, continuas y reguladas. La muy común cirugía refractiva LASIK produce seccionamientos nerviosos corneales que han sido asociados a generación de Ojo Seco. Esta condición clínica ha sido escasamente caracterizada. Se hizo seguimiento longitudinal entre -10 días hasta 6 meses de 56 ojos sanos sometidos a cirugía refractiva LASIK en Marzo 2012-Marzo 2014. Se consideró Ojo Seco aquel con sintomatología OSDI ≥ 13 , además de BUT ≤ 5 segundos ó Test de Jones (anestesia) ≤ 0.5 μ L/min. Aparte de evaluación clínica pre y post-quirúrgica de cada ojo se analizó parámetros fisicoquímicos del fluido lagrimal (microdesecados y perfil de proteínas). La sensibilidad corneal (estesiometría Cochet-Bonnet) fue el parámetro funcional post-LASIK más comúnmente alterado. Su disminución fluctuó entre 25 y 100%, con valores mínimos a +10 días o, raramente, +1 mes. Recuperación habitualmente parcial a +3 meses y frecuentemente completa a +6 meses, excepto cuando su nivel prequirúrgico era $< 50\%$ del normal. Post-LASIK, los flujos lagrimales (con/sin anestesia local) y la estabilidad lagrimal (BUT) disminuyeron marcadamente sobrepasando a distintos tiempos los valores límites de normalidad. Recuperación a tiempos variables. La formación de helechos lagrimales durante la microdesecación se afectó reversiblemente en asociación a LASIK. Los perfiles polipeptídicos lagrimales experimentaron post-LASIK un marcado incremento en banda 66 kDa a +10 días y +1 mes con regresión a normalidad a partir de +3 meses. Vía análisis proteómico se asoció tal modificación con expresión de varias isoformas de albúmina.

114. CARIOTIPO CUANTITATIVO DE *Pasithea coerulea* (RUIZ ET PAV.) (ASPARAGALES: XANTHORRHOACEAE) (Quantitative Karyotype Of *Pasithea Coerulea* (Ruiz Et Pav.) (Asparagales: Xanthorrhoeaceae))

Palma, C.¹, Inostroza-Lagos, C.¹, Jara-Seguel, P.², ¹Biología, Ciencias, Universidad de La Serena. ²Escuela de Ciencias Ambientales, Facultad de Recursos Naturales, Universidad Católica de Temuco.

CARIOTIPO CUANTITATIVO DE *Pasithea coerulea* (RUIZ ET PAV.) (ASPARAGALES: XANTHORRHOACEAE). Palma-Rojas C.¹ Inostroza-Lagos C.¹ y Jara-Seguel P.², Universidad de La Serena ¹ Universidad Católica de Temuco ² *Pasitheas* un género nativo cuya única especie es *Pasithea coerulea* (Ruiz et. Pav.) D. Don, que posee un alto valor ornamental. Es monocotiledónea del orden Asparagales, familia Xanthorrhoeaceae, subfamilia Hemerocallidoideae y se distribuye latitudinalmente desde la región de Antofagasta (20° S) hasta la de la Araucanía (39° S). A objeto de aportar nuevos antecedentes que contribuyan a mejorar su caracterización biológica, se describe su cariotipo cuantitativo. Los cromosomas se obtuvieron de meristemas radicales pretratados con antimitótico y teñidos con la reacción de Feulgen. En fotomicrografías se midió la longitud relativa de los brazos de cada par cromosómico y sus valores se representan en un Cario-idograma. Se determinó además, el índice de asimetría cariotípica (A_1). *Pasithea coerulea* mostró un cariotipo $2n = 22$ ($x = 11$) con 10 pares metacéntricos y un par submetacéntrico. La longitud cromosómica total del juego haploide es de $19,51 \pm 2,91$ μ m, con un tamaño promedio de $1,77 \pm 0,26$ μ m. El índice de asimetría cariotípica (A_1) fue de 0,01 que corresponde a un cariotipo simétrico. Los antecedentes citogenéticos disponibles más cercanos, corresponden a especies del género *Hemerocallis* también de la subfamilia Hemerocallidoideae que tienen un número básico de $x = 11$ como son *H. fulva* var. *Littorea* $2n = 22$, *H. fulva* var. *Kwanso*, $2n = 33$ y $2n = 44$ (*H. hybrida*), los cuales son diploides, triploides y tetraploides respectivamente.

115. EXPRESIÓN NUCLEOLAR Y TERRITORIOS NUCLEARES EN LA PROFASE MEIÓTICA DE ESPERMATOCITOS DE *MUS DOMESTICUS* (Nucleolar expression and nuclear territories in the meiotic prophase of *Mus domesticus* spermatocytes.)

López, F.¹, Zúñiga, N.², Ayarza, E.², Fernández-Donoso, R.², Berrios, S.², ¹Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ²Programa de Genética Humana del ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

El cariotipo ancestral de *Mus domesticus* $2n=40$, con todos los cromosomas telocéntricos, se modifica en poblaciones naturales derivadas debido a la ocurrencia de fusiones céntricas que dan lugar a cromosomas metacéntricos robertsonianos (Rb). Durante el paquiteno los bivalentes nucleolares se expresan activamente formando nucléolos. Se estudió la organización nuclear y expresión nucleolar en espermatoцитos $2n=40$ y $2n=24$. En microesparcidos nucleares se identificó: bivalentes telocéntricos (15 y 17) y bivalentes metacéntricos Rb (5.15 y 16.17) a través de FISH painting, la proteína nucleolar fibrilarina y la proteína SYCP3 del complejo sinaptonémico por inmunocitoquímica y el DNA nuclear se contrastó con DAPI. Se encontró mayor expresión nucleolar en los bivalentes Rbs que en los respectivos telocéntricos. En espermatoцитos $2n=40$ se observó asociaciones entre bivalentes telocéntricos mediadas por heterocromatina pericentromérica con participación de nucléolos generando territorios nucleares complejos en la periferia nuclear. En espermatoцитos $2n=24$ se observó la formación de un territorio nuclear central formado por heterocromatina pericentromérica y nucléolos de bivalentes metacéntricos, mientras los 3 bivalentes telocéntricos formaron un territorio único en la periferia. La presencia de cromosomas Rbs modifica significativamente la arquitectura nuclear de los espermatoцитos lo que se manifiesta en cambios de localización e interacciones entre bivalentes durante la profase meiótica.

PROYECTO FONDECYT 1120160

116. LA EPIGENÉTICA Y SU IMPORTANCIA EN EL RENDIMIENTO ESCOLAR: UN MODELO DE CIENCIAS INTEGRADAS EN LA ADQUISICIÓN DE HABILIDADES DE ORDEN SUPERIOR EN ESTUDIANTES DE PRIMERO BÁSICO.

(Epigenetics And Its Importance In The School Performance: A Model Of Integrated Science In The Acquisition Of Higher Order Skills In Student Of First Basic Teaching.)

Frias, D¹., ¹Instituto de Entomología, Ciencias Básicas, UMCE.

En el concepto tradicional de norma de reacción y plasticidad fenotípica era inconcebible pensar que los cambios fenotípicos adquiridos fuesen heredables. Ahora sabemos que existe un *epigenoma* donde la novedad es la participación de ARN no codificadores (ARNnc) en la regulación de la expresión génica. Estos ARNnc intervienen en la plasticidad neuronal plasticidad sináptica, regulación del aprendizaje, en la memoria y también en la capacidad cognoscitiva mediante la regulación de la morfogénesis de las dendritas en el desarrollo temprano en los niños. Los Stress postraumáticos en la infancia pueden modificar la conducta e incidir en algunos aspectos intelectuales tales como la memoria, el razonamiento, el lenguaje, el desarrollo social e implicar consecuencias en la evolución de la conducta. Los fenotipos mencionados son sensibles a cambios ambientales e inciden en el rendimiento escolar. Uno de los problemas educativos en Chile es la brecha en el rendimiento escolar entre los colegios Municipalizados, Particulares Subvencionados y Particulares. Estas diferencias no se deben a las potencialidades que los alumnos poseen para aprender y desarrollar actitudes y habilidades. Se deben más bien al ambiente. Con el fin de brindar a los estudiantes un entorno acogedor en el aula se propone un modelo de actividades experimentales orientadas a alumnos de Liceos Municipalizados de Primero de Enseñanza Básica donde se integran las Ciencias Naturales y las Matemáticas. Es necesario abrir un espacio a lo que se podría denominar *Epigenética Educativa*.

Financiado con Proyecto FONDEF CA12i10076

117. PREDICCIÓN DEL EFECTO FUNCIONAL DE VARIANTES MISSENSE DEL GEN AMELOGENINA, MEDIANTE ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO. (Prediction of the functional effect of missense variants of the amelogenin gene by bioinformatic analysis.)

Mansilla, D.¹, Morales, M.¹, Flores, O.¹, Sierra, A.¹, Salazar, A.¹, Morales, I.¹, Lozano, C.¹, Lefimil, C.¹, Urzúa, B.¹, ¹Instituto de Investigación en Ciencias Odontológicas, Odontología, Universidad de Chile. (Sponsored by Blanca Regina Urzúa Orellana)

OBJETIVO: Predecir el efecto de variantes de sentido equivocado (*missense*) del gen amelogenina (*AMELX*), mediante programas bioinformáticos.

METODOLOGÍA: Se recopiló la lista de polimorfismos de nucleótido único (SNP) del gen *AMELX* en la base de datos del Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI). Se clasificaron las variantes de acuerdo a su ubicación genómica y consecuencia funcional. Los SNP's agrupados como variantes *missense* fueron analizados *in silico* con los programas computacionales PolyPhen v2.0, PANTHER, Pmut, Mutation Tester y SIFT.

RESULTADOS: De 12 SNP's reportados en *AMELX*, 5 son variantes de regiones UTR-3', 17 corresponden a variantes río arriba 2KB, 12 río abajo 500B, 93 variantes intrónicas, 12 sinónimas, 4 *frameshift*, 1 codón stop, 1 delección y 16 variantes *missense*. Dos de Trece SNPs *missense*, de significado desconocido, fueron clasificados como posiblemente patógenos por PolyPhen, 8 como patógenos por PANTHER, 7 por Pmut, 5 por Mutation Tester y 2 por SIFT. Los rs431825178, rs139757230, rs148259441 y rs374272157 fueron clasificados por al menos 3 programas como patógenos.

CONCLUSIONES: El análisis de variantes de significado desconocido, mediante algoritmos de programas bioinformáticos, predice que algunos de ellos podrían ocasionar alteraciones, con potencial patógeno, a nivel de la proteína codificada. Esta metodología podría ser utilizada en la selección de variantes para futuros estudios genéticos de asociación con patologías orales como Amelogenesis Imperfecta y caries dental. Fondecyt N° 1140905 y FIOUCH 13-001.

118. CONNEXIN 46 EXPRESSION IN HUMAN CANCER CELL LINES: ROLE OF GAP JUNCTIONS AND HEMICHANNELS IN CELL PROLIFERATION AND HYPOXIA

Liao, C.¹, Graumann, R.², Ziegler, A.², Repetto, G.², Retamal, M.³, ¹Center of Human Genetics and Genomics, Medicina-Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo. ²Center of Human Genetics and Genomics, Medicina-Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo. ³Centro de Fisiología Celular e Integrativa, Medicina-Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo. (Sponsored by Gabriela Repetto)

The ability of tumor cells to grow under adverse conditions, such as in hypoxic environments, is an adaptive response that involves altering gene expression of, for example, vascular endothelial growth factor (VEGF). Connexins, or GJIC, are multi-channelled transmembrane proteins that connect the cytoplasm of adjacent cells. The loss of GJIC between cells is generally accepted to be associated with tumor growth. Therefore, a tumor suppressor role has been proposed for gap junction connexins like Connexin 43 (Cx43), Cx26, and Cx32. Recently, a new gap junction protein, Cx46, is emerging which appears to protect human breast cancer cells from hypoxia, as shown by its upregulated expression in a study with MCF-7 cancer cell lines. The aim of the present study is to identify a suitable cancer cell line model to study the functional effects of Cx46 in tumors, and to evaluate the cell proliferation and viability with respect to Cx46 mRNA levels under two unfavourable conditions: i) Reduced oxygen level or hypoxia at 1% O₂, and ii) reduced serum or starvation. Using real-time RT-PCR, we analyzed expression profiles of Cx46 in human breast, ovarian and other human cancer cell lines to identify differential expression level models (high-moderate-absent). In our results, we confirm expression of Cx46 in MCF-7 breast cancer cells. However, we find that Cx46 is also expressed in other human cancer cell lines. We hypothesize that under hypoxic and starvation conditions, Cx46 is upregulated to promote intercellular communication for cell-survival. Interestingly, microRNA-1 (miRNA-1) is thought to downregulate Cx43, and since a reciprocal relationship exists between Cx43 and Cx46, perhaps miRNA-1 is a candidate as indirect upregulator of Cx46, which should be addressed in future studies to elucidate the mechanisms of Cx46 regulation.

Índice

Abarca Valentina 15	Blankenberg Stefan 31
Abdel-tawab Yasser 43	Blumwald Eduardo 43
Abzhanov A 4	Bokhorst S 10
Acevedo P 43	Boric D 37
Acuña Marco 66	Boric-bargetto DUSAN 80
Aguilera MOISÉS A. 35	Boy Diana 45
Aguirre-morales Mauricio 45	Boy Jens 44
Agurto Rocío 69	Boy Jens* 45
Aizen Marcelo 5	Bramley-alves Jessica 10
Alarcon Diego 44, 56	Brante Antonio 58
Alberdi M 43	Bravo David 68
Alberdi Miren 42, 85	Bravo L 46, 78
Alberti Carolina 70	Bravo L. 78
Alfaro Carmen 79	Bravo T 87
Altamirano Adison 59	Broitman B 13
Álvarez Eduardo 62, 79	Broitman BERNARDO R 35
Andrade David 52	Bromke M 31
Andrea Seelenfreund 60	Brown N 68
Aracena Mariana 51	Bruning P 61
Arancibia D 87	Bull Kester 18
Arancibia PA. 35	Bull-hereñu K 17
Arancibia Paulina A. 35	Bull-hereñu Kester 59
Araneda C 65	Burger Nicole 55
Araneda Cristian 50	Burgos Héctor 68, 69
Araos Sebastian 15	Burgos-villasaca J 52
Armesto JJ 75	Bustamante Ramiro 58
Armesto Juan 48	Bustamante Rebeca 64
Armesto JUAN J. 56	Bustamante-sánchez Marcela 59
Armisen R 23	Bustos A 56
Armisen Ricardo 50, 64, 67, 87	Bustos-salazar Ángela 77
Aros Daniela 24	Caballero Valeria 84
Arriagada Héctor 32	Cabello G. 82
Arriagada Nicolas 34	Cáceres Aníbal 88
Arroyo M 4	Cádiz MI 36
Artacho P 59	Calderon J 30
Atenas Alejandro 40	Calvo Mario 66
Atria Ana María 64	Camargo Arley 79
Avaria-llautureo J 61	Cambiazio V 65
Avaria-llautureo Jorge 63	Cambien François 31
Ávila MI 73	Campos Camila 76
Avila-thieme María Isidora 35	Camus PA 73
Avila-thieme MI. 35	Camus PA. 19, 35
Avramopoulos Dimitri 30	Canals M 34, 49, 79
Ayarza Eliana 88	Canals Mauricio J 79
Baeza Carlos 36	Cancino Ricardo 62
Baeza D 75	Cancino Ricardo A. 37
Bahamondes Daniela 57	Candia Enzo 70
Bargsted Maria-Olga 40	Canessa Rafaela 58
Barindelli Elena 49	Cañas C 56
Barriga Andrés 70	Cañas-rojas D 61, 81
Bartheld José Luis 59	Cappelli Claudio 50, 64, 87
Bascunan L 43	Cárdenas L 62
Bassini LN 15	Cardenas Leyla 61
Beerli P 7	Carrasco Basilio 22
Belezaca Carlos 55	Carrión Flavio 39, 70
Belmonte Eliana 57	Cartes C 71
Benavente Javiera 80	Cartier Luis 70
Benavides F 88	Carú M 41
Benavides Felipe 50	Carú Margarita 38
Benavides O 88	Carvajal Andrés 23
Berrios C 82	Carvallo Gastón 81
Berríos Soledad 88	Casanova Katny Angélica 40

Casanova-katny A 40	Dhingra Amit 22
Casanova-katny Angélica 84	Di Genova A 15, 65
Casanova-katny M. Angélica 59	Di Génova Alex 42
Castañeda Luis E. 59	Díaz María José 45, 78
Castellon Enrique A. 9	Díaz MF 75
Castillo Viviana 9	Díaz Nelson 50
Castro B 82	Díaz S 83
Castro Camila 36	Dietz Hal 30
Castro Javiera 52	Diez Daniela 67
Castro-castillo V 52	Dilandro Santiago 50
Cavieres L. 46, 78	Djouad Farida 70
Cavieres Lohengrin 76	Djuad Farida 39
Cavieres Lohengrin A 44, 56	Donoso Gerardo 50, 64
Cavieres Lohengrin A. 79	Dr L 17
Celis Juan Luis 62	Dumais J 18
Cerda Fernando 76	Durán V 81
Chana P 88	Enrique Rodríguez-Serrano 63
Chaparro Eduardo 67	Enríquez Ricardo 71
Chinga J 55	Escudero Cristian 12
Chinga Javiera 18	Espejo María José 57
Christie Duncan A. 77	Espinoza Karena 50, 66, 67
Ciancio JE 81	Estay Francisco 50
Cifuentes Federico 9	Estay Sergio 34
Cifuentes Lucía 27	Estévez D 82
Civello Pedro M 12	Eyheramendy S 49
Classen-bockhoff R 18	Eyheramendy Susana 66
Claudio Inostroza-Blancheteau 85	Ezquer Fernando 67
Cofré Christian 69	Ezquer Marcelo 67
Cofré H 19	F.p Ojeda 75
Collado Gonzalo A. 58	Fajardo A 25
Conget Paulette 67	Feijoo Matías 51
Constandil Luis 68	Fernández Catalina 39, 70
Contreras Andrea Paz 76	Fernández Mario 67
Contreras Héctor R. 9	Fernández Rodrigo 86
Contreras Luis 76	Fernández-donoso Raúl 88
Contreras Rodrigo A 43	Fernández-ramires R 87
Contreras Rodrigo A, 44	Ferres Marcela 66
Contreras Rodrigo A. 10, 32	Fibla P 38
Contreras S 75	Fierro Alberto 70
Coopman Rafael E. 77	Figuroa Carlos R. 12
Correa C 36	Figuroa Fernanado 39
Correa Cristián 29	Figuroa Fernando 71
Correa K 15	Figuroa J 71
Corsini Gino 64	Figuroa Jaime 71
Cortez Yasna 57	Finot Víctor 36
Cortinez G 66	Fisahn J 31
Cossio Michel 47, 61	Fleury Marina 58
Covian Camila 70	Flores Oriana 89
Cubillos Francisco A. 15	Flores Verónica 29
Cubillos V. Mauricio 45	Flores-molina María Rosa 45, 78
Cuiza Analía 66	Francisco Rodríguez 70
D'elía Guillermo 38	Franck Nicolás 42
D'elía Guillermo 51, 79	Frias D 89
Dantas Gisele 61	Fuentealba Rodrigo 39, 71
De La Barra Rodrigo 23	Fuentes Juan Pablo 81
Del Pino Francisco 79	Fuentes María Ignacia 87
Del Rio Rodrigo 30, 52	Fuentes-castillo Taryn 57
Delgado Mabel 86	Fulop Daniel 18
Delporte C 83	Gajardo G 36
Demagnet Rolando 85	Galaz CCP 82, 83
Deppe Mariana 85	Galetti M 6
Deysis Galvan 63	Gallardo F 82

Gallardo LM 53
 Gallardo MARÍA-BELÉN 56
 Gallardo Mauricio 62
 Galleguillos RA 36
 Gallo Elena 30
 Galvan Deysis 63
 Galvez Anita 85
 Gálvez F.E. 80
 García Verónica 15
 Garrido Ignacio 45, 78
 Gaxiola Aurora 24, 25
 George-nascimento Mario 61
 Gianoli Ernesto 58
 Giavalisco P 31
 Ginocchio R 21
 Giordano Ady 64
 Giorlo Facundo 51
 Godoy Fabián 70
 Godoy Roberto 44, 45, 55
 Godoy-herrera Raúl 62, 79
 Gómez Iván 45, 78
 Gómez R 62
 Gomez-uchida D 36, 61, 81
 Gómez-uchida Daniel 80
 González Alejandra 18, 36, 81
 González Alejandra V. 48, 81
 González AV 29
 Gonzalez Avia 13
 Gonzalez B 21
 González Bernardo 41, 73
 Gonzalez K 75
 González Luis Alberto 58
 González Marisol 39, 71
 González N 83
 González-acuña Daniel 37
 González-agüero Mauricio 42
 González-hormazabal P 87
 González-stegmaier R 71
 González-stegmayer Roxana 71
 Grau G 87
 Graumann Rebecca 89
 Grima Lissette 64
 Gudrun Kausel 71
 Guerrero A. Juan P. 80
 Guggenberger Georg 45
 Guillemin M-L 62
 Guo Tingwei 50
 Gutierrez R 22
 Guzmán Garen 58
 Habashi Jen 30
 Haye P 80
 Haye Pilar 80
 Henríquez Berta 69
 Henríquez M* 62
 Henríquez William 74
 Henríquez-brunet Marcela 60
 Hernández A 52
 Hernández Alejandro 68, 69
 Hernández C 83
 Hernández C.E 61
 Hernández CE 36
 Hernández Cristián 63

Hernández Cristián E 49
 Hernández Cristián E. 37, 58
 Hernández Jaime 57
 Hernández José Andrés 57
 Hernández M. Francisca 76
 Hernández Ulloa Cristián E 37
 Hernando C 70
 Herrera F 83
 Herrera R 12
 Hesse H 31
 Hinds Philip 68
 Hinojosa Felipe 24
 Hinojosa Luis Felipe 25
 Hinrichsen Patricio 42
 Hittner James 66
 Hjelle Brian 66
 Hua Quan 10
 Huera Claudia 49
 Huovinen Pirjo 45, 78
 Hutchings Michael J. 45
 Ibáñez Christian M. 48, 76
 Infante C 52
 Inostroza-blancheteau C 43
 Inostroza-lagos Camila 88
 Irrázabal Carla 47, 61
 Iriarte Agustín 76
 Iturra P 65
 Iturra Pablo 64
 Iturra Patricia 86
 Iturriaga Carolina 66
 Iturriaga Rodrigo 52
 Iwamoto Akitoshi 17
 Izumidate Ryoko 17
 Jaksic F 21
 Jara Claudia 62, 79
 Jara L 5, 87
 Jara R 71
 Jara-seguel Pedro 88
 Jiménez Castillo Mylthon 47
 Jimenez Danae 85
 Jiménez-castillo Mylthon 45
 Kalgis Alexis M. 40
 Katny M 10
 Kempaiah Prakasha 66
 Kessi-pérez Eduardo I. 15
 King Diana 10
 Köhler Hans 10, 32, 43, 44
 Kramer Elena M 18
 Kurte M 39
 Kurte Mónica 39, 70
 Lackner Karl J. 31
 Lagos Fernando 71
 Lagos Marcela 51
 Lagos Nelson 13
 Lagos Nelson A. 13
 Lam N 65
 Lam Natalia 86
 Landeros N 87
 Landeros Natalia 50, 64, 87
 Lara Carlos 13
 Lardies M. A. 13
 Lardies Marco 13

Lardies Marco Antonio 41
 Lasalle Andre 50
 Latorre Brian Javier 37
 Lavanderos Nicolás 24
 Leal Karla 67
 Lefimil Claudia 89
 Leiva D 41
 Leiva Diego 38
 Leiva J 52
 León Luis 51, 66
 León Mario F. 57
 León-lobos Pedro 45, 57
 Lessa Enrique Pablo 51
 Lhorente JP 15
 Liao Christine 89
 Lima M 21
 Lobos Catalan Paulina 47
 Lobos Tomas 42
 López Daniela 34, 88
 López Fernanda 88
 López ME 15
 López-colín G 56
 López-morgado Natalia 35
 López-solís Remigio 88
 Lozano Carla 89
 Lucieer Arko 10
 Luz-crawford Patricia 39, 70
 Maass A 15, 65
 Maass Alejandro 42
 Mace Ruth 32
 Maldonado Edio 30, 68
 Maldonado Jonathan 22
 Maldonado Karin 34, 35
 Malenovsky Zbynek 10
 Mansilla Daniela 89
 Mansilla Rita 66
 Mansur L 75
 Manzano Marlene 41
 Marcelain Katherine 50, 64, 67, 87
 Marcelo Wara 58
 Marco Claudia 66
 Marcus Noah 30
 Marín César 44
 Martínez Claudio 15
 Martínez Gustavo 12
 Martínez L 83
 Maureen Murua 18
 Medina Felipe A. 31
 Medina Fernando 70
 Medina Francisco 29
 Medina María Cristina 62, 79
 Meisel Lee 49
 Mejias Enrique 42, 84
 Menares LUNA 56
 Méndez M 19, 38
 Mendez Marco 86
 Mercado Ana 84, 85
 Mertz Gregory 66
 Mikutta Robert 45
 Miranda Alejandro 59
 Miranda G. Sherry 59
 Molina A 71

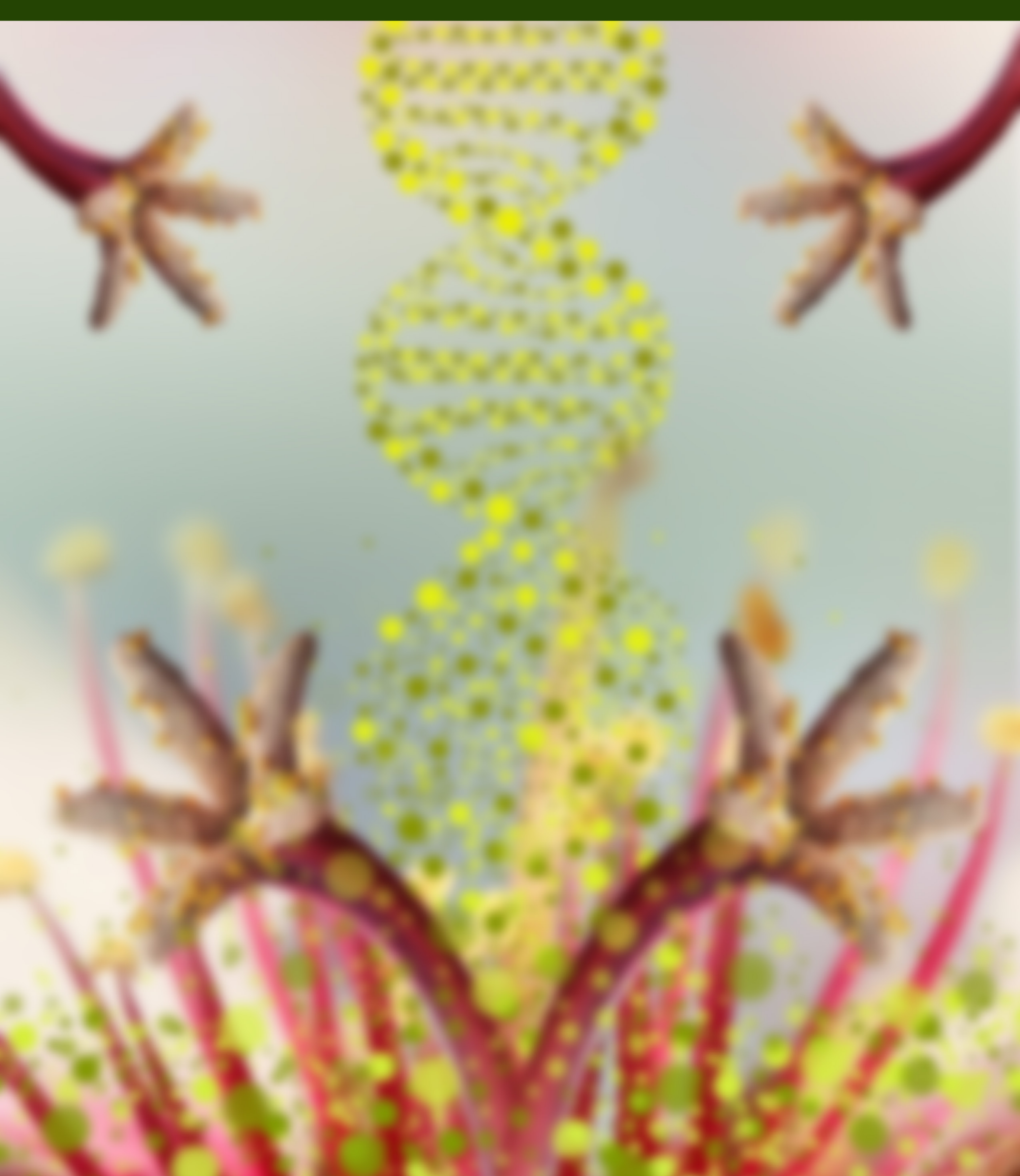
Monrás M 71
 Monrás Mónica 71
 Montalva Nicolás 32
 Montecino Martín 50, 64, 87
 Montecino Scarleth 67
 Montenegro G 64
 Montenegro Gloria 42, 84
 Montes Matías 68
 Mora Juan P. 74
 Mora Maria De La Luz 31
 Morales Bernardo 69
 Morales Irene 89
 Morales Jorge 70
 Morales Manuel 89
 Morales S 87
 Morales-munita S 40
 Morales-paredes Carlos 47
 Moran Paul 29
 Morandé Pilar 87
 Morano-büchner Carolina 75
 Moreira-muñoz Andrés 57
 Moreira-ramos S 30
 Moreira-ramos Sandra 68
 Moreno P. I. 29
 Moreno Patricio 74, 75
 Moreno Patricio. I 75
 Moreno RD 53
 Morgan Carlos 68
 Moya Esteban 52
 Mujica Karen 49
 Münzel Thomas 31
 Muñoz P 45
 Muñoz Pamela 78
 Muñoz-espinoza Claudia 42
 Muñoz-mendoza Carla 79, 80
 Murúa Maureen 81
 Musante F 43
 Nardi Cristina 12
 Narváez Cristóbal 77
 Naulin P 82, 83
 Naulin PI 82, 83
 Navarrete AH 75
 Navarrete Arturo 48
 Navarro J 19
 Naya Daniel Ernesto 51
 Neill Paula 58
 Neira R 65
 Ninio Ewa 31
 Novoa Patricio 36
 Núñez M 46
 NÚÑEZ-Ávila MARIELA 56
 Ocampo Renato 66
 Ocampo-garcés Adrián 52
 Oda Esteban 82
 Oliva Bárbara 53
 Oliva Marcelo 61
 Opazo Juan C. 39, 65
 Opazo Juan Cristóbal 51
 Opazo Tatiana 50, 64
 Orellana Ariel 42
 Orellana José I. 47
 Orlando J 41

Orlando Julieta 38	Racordon D 53
Ortiz J 6	Ramírez Eugenio 70
Ortiz Juan Carlos 36, 80	Ramírez L 41
Ortiz Z. Juan Carlos 80	Ramírez Paulina 68
Ortiz Zapata Juan Carlos 37	Ramírez-otarola Natalia 40
Oscar Inostroza-Michael 63	Ramírez-saldaño TOMAS 80
Osores Sebastian 13	Ramos Yarima 63
Osorio Manuel 62	Rautenberger Ralf 45
Owen G 9	Reguera Maria 43
Owen Gareth 53	Repetto Gabriela 50, 66, 67, 87, 89
Palfner G 40	Repetto GM 88
Palfner Götz 59	Retamal Jeffri 68
Palisson Francis 87	Retamal Mauricio 64, 89
Palma C 88	Reyes A 68
Palma Eduardo 62	Reyes Andrea 68
Palma R. Eduardo 36, 37	Reyes Claudia 79
Palma RE 16	Reyes D 65, 66
Panzerá Alejandra 79	Reyes JM 87
Parada José 64	Reyes Lilian 69
Parada Rodolfo 32, 43	Reyes-díaz M 43
Pardo Luis Miguel 81	Reyes-díaz Marjorie 42, 85
Pardo-gandarillas M. Cecilia 48, 76	Reyes-díaz Marjorie 43
Parra C 59	Ribalta Camila 42
Parra L 16	Ribera-fonseca A 31
Pascual MA 81	Ribera-fonseca Alejandra 42
Pastenes Claudio 42, 84	Rios Juan Carlos 22
Patiño-garcía DF 53	Rivadeneira M 80
Paula S. 73, 83	Rivadeneira Marcelo 80
Paula Susana 74, 77	Riva-rossi CM 81
Pelissier Teresa 68	Rivas Elizabeth 64
Penneckamp D 59	Rivas Soledad 50, 64
Peña Fabiola 61	Rivera Alejandra 50, 64
Peña J 83	Rivera B 78
Peña María Paz 77	Rivera Juan Carlos 66
Peralta Gioconda 47, 61	Rivera Reinaldo 49, 58, 63
Pereda Jaime 69	Riveros Marcela 81
Perez Claudio 50	Robinson Sharon A 10
Pérez F 55	Robledo Francisco 22
Pérez Fernanda 18, 24, 25, 47, 61	Rodríguez G 41, 65
Pérez Francisco 64	Rodríguez Karina 64
Pérez María Fernanda 37	Rodríguez Maricruz 62
Perez Ruth 66	Rodríguez SM 76
Perini Mauro 12	Rodríguez Xiomara 63
Perkins Douglas J 66	Rodríguez-serrano Enrique 37, 80
Pesce O 29	Rodríguez-valdecantos Gustavo 41, 73
Pesce O.H. 29	Rojas Diego 64
Pimentel C 61	Rojas G 60
Pino Luis 62, 79	Rojas Noemí 81
Piper F 24	Rojas Pablo 71
Piper Frida I. 77	Rojas Patricio 39, 71
Pitre Leanis 63	Romeo Eliana 51
Pizarro Marisol 10, 32, 43, 44	Romero A 71
Poblete Gisselle 22	Romero Alex 71
Pola Victor 50, 64, 87	Romero C 9
Ponce Carolina 64	Romero Christian 44, 56
Poulin Elie 61, 82	Romero Gustavo 18
Powell Ann 12	Ronse De Craene Louis 17, 59
Pritchard Hugh W. 45	Rosello-mora Ramon 73
Puente Javier 70	Roseblatt Mario 70
Quero-garcia Jose 22	Rotival Maxime 31
Quezada María Paz 84	Rubilar Génesis 71
Quintremil Sebastián 70	Rubilar-rogers D 16

Ruiz De Gamboa Margarita 37
 Ruiz Eduardo 36
 Rykiel Graham 30
 Sabat Pablo 34, 35, 40, 77
 Sade Soraya 56
 Sáez Juan Carlos 53
 Saez P 38, 78
 Sáez P. 46, 78
 Sáez-briones P 52
 Sáez-briones Patricio 68, 69
 Sagredo Alfredo 87
 Salazar Ana 89
 Salazar Christian 16
 Salazar José 76
 Saldaña Alfredo 55, 58
 Salinas Dino 62
 Salinas H 38
 Salinas Patricia 81
 Salinas Valeria 86
 Salinas-toro Daniela 88
 Sallaberry M 38
 Sánchez Raimundo 41
 Sánchez-hernández Juan Carlos 77
 Sandoval Ana C. 45, 57
 Sanfuentes E 40
 Sanhueza Ana 76
 Sanhueza C 78
 Sanhueza C. 46, 78
 Santelices Bernabé 29, 48
 Santos M 27
 Saravia J* 62
 Saravia Julia 59
 Schreiber Lukas 22
 Schultz Harold 30
 Seal Charlotte 45
 Segarra-moragues JG 73
 Segovia R 48
 Segovia-rivera V 74
 Seguel I 83
 Sellanes Javier 48
 Sepúlveda Hugo 50, 64, 87
 Sepúlveda Roger D. 48, 76
 Shane Michael 86
 Shibistova Olga* 45
 Sierra Alfredo 89
 Sierra-almeida A. 78
 Sierra-almeida Angela 76, 79
 Silva Herman 22
 Silva Sergio I. 57
 Silva W 75
 Simi Enzo 74
 Sin Ignacio 12
 Smith Ramírez Cecilia 77
 Smith-ramírez Cecilia 59
 Solano-iguaran J.J 73
 Solis Rigoberto 34, 49
 Sossa Katherine 40
 Spotorno A 20
 Stöbbe Janina 18
 Sulz L 69
 Swallow Dallas 32
 Tapia D 56

Tapia J 87
 Tapia Julio 50, 64, 87
 Taucare-rios Andres 79
 Tellier Florence 60
 Tiret Laurence 31
 Tobar-villa Camila 48
 Toledo-araya Héctor 88
 Toloza-villalobos Jessica 39
 Torres Felipe 73, 76
 Torres-mellado Gustavo A. 59
 Torres-morales Patricio 45
 Torres-perez FERNANDO 80
 Traipe-castro Leonidas 88
 Trégouët David-Alexandre 31
 Turnbull Johanna 10
 Ugalde Ma Cristina 76
 Ulloa P 65
 Urbina Felipe 41
 Urrutia Mariana 39, 71
 Urzúa Blanca 89
 Urzua Crithian 67
 Urzúa Ulises 87
 Valdebenito Patricio 67
 Valdez Lourdes 51
 Valdivia Carlos E. 47, 56
 Valdivia Isabel 61
 Valdivia Nelson 45, 74, 76
 Valdivieso Francisca 66
 Valencia C 59
 Valenzuela Carlos 27
 Valenzuela Claudio 68
 Valenzuela CY 51, 82
 Valenzuela Eduardo 55
 Valenzuela Felipe 88
 Valenzuela G 82, 83
 Valenzuela Gerardo 83
 Valenzuela María Antonieta 70
 Valenzuela Rodrigo 9
 Valenzuela-aguayo F 61
 Valle S 56
 Vallejos V 78
 Vallejos-garrido Paulo 63
 Van Zundert Brigitte 69
 Varas Danay 76
 Varela Patricia 88
 Vargas Cristian 13
 Vargas Cristóbal 87
 Vargas Sergio 64
 Vásquez Dayana 36
 Vasquez Felipe 14
 Vásquez Manuel 71
 Vásquez Rodrigo 58, 82
 Vázquez Mary Carmen 69
 Vega Ana María 39
 Vega Claudia 85
 Vega-letter Ana Maria 39, 70
 Velásquez Patricia 64
 Veliz David 81
 Veloso Claudio 34
 Venegas Michael 34
 Venegas R. 46
 Vera H 84, 85

Vera-villalobos H 31
Verdugo Ricardo 87
Verdugo Ricardo A. 31
Vergara Nicolas 45
Vial Cecilia 50, 66, 67
Vial Pablo 66
Vianna Juliana 61
Vicencio Isidora 86
Victoriano Pedro 79
Victoriano Pedro F. 38, 80
Vidal Maldonado MARCELA 80
Vidal R 65, 66
Vidal-araya Claudia 59
Vila Irma 86
Vilches Rodrigo 39, 71
Villagra CA 82
Villalobos Luis 42
Villa-martínez Rodrigo 74, 75
Villarreal Natalia 12
Vizziano Denise 50
Wainstein Nicolas 70
Wallem Karin Petra 76
Warren Dan 30
Waterman Melinda 10
Westhoff Rodolfo 57
Wiese Guillermo 64
Wild Philipp S. 31
Willhelm Jan 66
Wulff Zottele Cristian 84, 85
Wulff-zottele C 31
Xiomara Rodriguez 63
Yannicelli Beatriz 13
Yáñez JM 15
Yáñez Sonia 60
Yubero Joao 87
Zapata-hernández Germán 48
Zavala E 65, 66
Zavala Kattina 65
Zaviezo Camila 40
Zeise Marc 69
Zeisler Viktoria 22
Zeller Tanja 31
Zepeda Paulo 62
Ziegler Annemarie 89
Zúñiga Alejandra 86
Zúñiga G 10
Zúñiga Gustavo 10
Zúñiga Gustavo E 44
Zúñiga Gustavo E. 32, 43
Zúñiga Nolberto 88
Zúñiga-feest A 56
Zúñiga-feest Alejandra 77
Zúñiga-reinoso Álvaro 37



CONICYT
Comisión Nacional de Investigación
Científica y Tecnológica



Congress | Agency | Web Solutions