LIX REUNIÓN ANUAL

SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE

X REUNIÓN ANUAL

SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

XXVII REUNIÓN ANUAL

SOCIEDAD DE BOTÁNICA DE CHILE

8 AL 10 DE NOVIEMBRE 2016

HIPPOCAMPUS RESORT & CLUB - COSTA DE MONTEMAR - CONCÓN

Más Información: www.biologiachile.cl

LIX REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE

X REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

XXVII REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE BOTANICA DE CHILE

8 al 10 de Noviembre 2016

HIPPOCAMPUS RESORT & CLUB-COSTA DE MONTEMAR-CONCÓN

AUSPICIADORES

BioMed Central (BMC)

COMISIÓN NACIONAL DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA Y TECNOLÓGICA

FACULTAD DE CIENCIAS, UNIVERSIDAD DE CHILE

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS, PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CHILE

FUNDACIÓN CHILENA PARA LA BIOLOGIA CELULAR

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE CHILE

CONFERENCIAS

CONFERENCIA INAUGURAL

HOMEOSTATIC REGULATION OF ARTERIAL PCO_2: NEURAL CIRCUITS AND MOLECULAR MECHANISMS OF CO_2 SENSING

Guyenet, P.G. PhD, Department of Pharmacology, University of Virginia, Charlottesville, VA.

Breathing is a rhythmic motor behavior under metabolic, voluntary and emotional control. During quiet rest or sleep, the breathing rhythm is generated by a bilateral cluster of excitatory neurons, the preBötzinger complex which subsequently activates a network of excitatory or inhibitory interneurons (pattern generator) that fire during specific phases of the breathing cycle and eventually trigger the orderly activation of the breathing muscles.

The three most powerful stimulatory influences on breathing are exercise, hypercapnia and hypoxia. The effects of hypoxia are mediated primarily via the carotid bodies and those of CO_2 via the retrotrapezoid nucleus (RTN). RTN neurons are glutamatergic. Their firing is exquisitely sensitive to arterial pH in vivo (0.5Hz/0.01 pH). Their pH-sensitivity is partly intrinsic (proton sensors: TASK-2 and GPR4) and partly astrocyte–dependent. RTN stimulates every aspect of breathing including active (abdominal) expiration. During quiet rest and non-REM sleep breathing automaticity requires RTN input and the breathing stimulation elicited by RTN is directly proportional to arterial pH. Finally, RTN neurons are silenced by hypobaric hypoxia.

RTN development relies on transcription factors egr-2, phox2b and atoh-1. Phox2b mutations cause CCHS, a developmental disease characterized by the absence of chemoreflex and severe night-time hypoventilation. Phox2b mutations in mice abort RTN development selectively and recapitulate the human disease.

In brief, RTN are central respiratory chemoreceptors. Except under hypobaric hypoxia, RTN sustains breathing automaticity while maintaining arterial PCO_2 constant. This dual function is especially crucial during non-REM sleep.

CONFERENCIA DR. HERMAN NIEMEYER

MITOCHONDRIAL NON-CODING RNAs: NOVEL TARGETS FOR CANCER THERAPY?.

Burzio ,L.O. Andes Biotechnologies Sp.A, Fundación Ciencia & Vida, and Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile (lburzio@gmail.com).

A family of mitochondrial lncRNAs (ncmtRNAs) arising from the mitochondrial 16S rRNA gene will be described. They comprise a Sense (SncmtRNA) and Antisense (ASncmtRNA) members, both of which contain long inverted repeats and therefore dsRNA regions. These transcripts are differentially expressed according to proliferative status; both transcript types are readily detected in normal proliferating cells, but not in resting cells. Tumor cells (human and mouse) express the SncmtRNA but down regulate the ASncmtRNAs. We proposed that the ASncmtRNAs is tumor suppressor and a generalized hallmark of cancer. We showed that knock-down of ASncmtRNA with antisense oligonucleotides (ASK for short) induces selective death of tumor cells, leaving normal cells unaffected. Tumor cell death displays characteristics of apoptosis and is mediated by down-regulation of Survivin and XIAP. Cell death is preceded by a drastic reduction in proliferative index, mediated through a marked decrease only of Cyclin D1 and B1. In addition, ASK induces drastic inhibition of sphere formation together with down regulation of N-cadherin and B-caveolin important factor pre-metastasis. The reduction in survivin, both cyclins, N-cadherin and β-caveolin seem to be mediated by microRNAs arising upon ASncmtRNA knock down. Indeed, ASK induces several described microRNAs several derived from the ASncmtRNAs. Among them, we found strong increase of hsa-miR-1973 and hsa-miR-4485, whose sequence share a perfect match with internal segments of ASncmtRNAs. Mimics assay demonstrate that hsa-miR-4485 expression inhibition of cyclin D1 and B1 plus N-cadherin.
Translation studies demonstrate that the ASncmtRNAs are potent target for cancer therapy. This results will include examples of syngeneic (melanoma B16F10 cells and renal carcinoma Renca cells) as well as xenograph assays with human prostate carcinoma (PC3 cells) and breast carcinoma (MDA-MB-231 cells).

CONFERENCIA

SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE- GRUPO BIOS

AL CIENTIFICO JOVEN MAS DESTACADO 2015

INFECCIONES CAUSADAS POR *CLOSTRIDIUM DIFFICILE*: AVANCES EN LA BIOLOGÍA DE LAS ESPORAS DE *C. DIFFICILE* Y LOS MECANISMOS DE INTERACCIÓN CON EL HOSPEDERO.

Paredes-Sabja, D. Microbiota-Host Interactions and Clostridia Research Group; Universidad Andrés Bello, Santiago Chile.

Clostridium difficile es un patógeno anaerobio, formador de esporas y el agente etiológico más importante de las diarreas asociadas a antibióticos tanto nosocomiales como adquiridas en la comunidad. A pesar que las esporas de *C. difficile* son el principal vehículo de infección, de persistencia en el hospedero y de transmisión, pocos estudios se han enfocado sobre este clave aspecto. En este sentido, nuestro grupo se ha enfocado en estudiar como las esporas de *C. difficile* interactúan con la mucosa intestinal del hospedero. Nuestros estudios han revelado características únicas de las esporas que las hacen ser altamente transmisibles relacionadas con las propiedades de resistencia intrínsecas de las esporas de *C. difficile*. Hemos desarrollado métodos para identificar la composición de la superficie de las esporas de *C. difficile*, y caracterizado la variabilidad ultraestructural de las capas más externas de la esporas de cepas epidémicas. Recientemente, mediante la inactivación de genes del exosporium, hemos comenzado a elucidar los mecanismos asociados al ensamblaje de las capas externas de esporas de *C. difficile*, e identificado varios factores morfogenéticos esenciales para su ensamblaje. Otras líneas de investigación incluyen el desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas para el tratamiento de las infecciones recurrentes de *C. difficile*.

CONFERENCIA

SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

VERTEBRATE MACROEVOLUTION AND THE IMPORTANCE OF MUSEUMS, FOSSILS AND DATA-SCIENCE

Price, S. Department of Evolution & Ecology, University of California Davis, 1 Shields Avenue, Davis, CA 95618, USA.

Understanding how patterns of ecomorphological and lineage diversity are influenced by biotic and abiotic factors and the interaction between them is of fundamental importance. Only by understanding the regulators of biodiversity in the past can we begin to predict future responses to global change. The successful synthesis of phylogenetic and paleontological information has the potential to vastly improve our understanding of macroevolution as separate analyses of the fossil record and extant phylogenies frequently infer different factors as important drivers of diversification. To identify macroevolutionary patterns of biodiversity and their drivers requires an integrative approach, tapping the vast reserves of scientific data in museum collections and the published scientific literature data and thus combining traditional ecomorphology and phylogenetics with data-science techniques. I illustrate how this approach can identify repeating themes and general principles governing the evolution of vertebrate diversity using my recent work on dietary evolution and its impact on mammalian diversification and the ecological drivers of fish body shape diversity.

CONFERENCIA

SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

LA ESPECIALIZACIÓN HA MUERTO...¡VIVA LA ESPECIALIZACIÓN! (Specialization is dead...¡long live to specialization!)

Medel R[1], [1]Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La especialización como estrategia evolutiva ha sido un concepto central en estudios de ecología y evolución, en parte debido a su íntima conexión con fenómenos de adaptación biológica. En consecuencia, gran parte de nuestra interpretación de la naturaleza se ha sustentado en teorías construidas bajo ese paradigma. Sin embargo, en las últimas décadas ha ocurrido un reemplazo desde un paradigma de especialización a uno de generalización, donde interacciones múltiples y a menudo reticulares parecieran caracterizar de mejor manera los sistemas naturales. Así, la idea de especialización ha dado paso a una visión más generalista donde lo que predomina son las interacciones entre conjuntos de poblaciones y especies por sobre relaciones más estrechas. No obstante lo anterior, la especialización puede ser: a) un resultado directo de la evolución de los linajes o, b) un producto colateral impuesto por restricciones históricas. En esta charla desarrollaré ambos conceptos, poniendo especial énfasis en la segunda definición. Para ello, usando ejemplos de interacciones mutualistas y antagonistas de la biota chilena, ilustro la manera en que restricciones históricas han generado un ambiente Mediterráneo que, a diferencia de lo observado en otras latitudes, contiene una alta prevalencia de interacciones especializadas. Este fenómeno, propio de biotas insulares, resulta de un pool inicial limitado de especies de flora y fauna mas que de estrategias de especialización evolutiva en los linajes. En consecuencia, y de acuerdo a estas consideraciones, la especialización no pareciera estar muerta. Por el contrario, constituye un resultado plausible en escenarios con poca diversidad de especies, donde los interactuantes cuentan con menos alternativas para articularse entre sí y coevolucionar entre ellos. La aceptación de esta perspectiva conlleva el reconocimiento de la alta sutileza y sensibilidad a la extinción de los sistemas especializados en Chile, lo que debiera incentivar a redoblar los esfuerzos de conservación de las interacciones en las poblaciones naturales.

Fondecyt 1150112

SIMPOSIOS

SIMPOSIO

ESTADO DEL CONOCIMIENTO DE HONGOS EN CHILE

Coordinador: Reinaldo Vargas

AVANCES EN EL CONOCIMIENTO DE HONGOS CHILENOS (Advances in knowledge of chilean fungi)

Palfner G[1], [1]Botánica, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

De todos los grupos de organismos que constituyen el patrimonio biológico de Chile, los hongos han sido probablemente los menos estudiados. El catastro nacional de especies fúngicas aún tiene muchas páginas en blanco, tanto en número e identidad de especies como en su distribución geográfica, su valor ecológico y su estatus de conservación. Sin embargo, y a pesar de la persistente escasez de especialistas y de la falta de programas específicos para fomentar el estudio de la micobiota chilena, ha habido avances importantes durante los últimos años, no solamente en el conocimiento de la diversidad de hongos sino también en su incorporación en contextos legales de conservación del medioambiente. Dos ejemplos destacados son la incorporación obligatoria de los hongos en los estudios de impacto ambiental, así como la elaboración de la primera lista de hongos chilenos en categoría de conservación. También se ha comenzado a determinar las especies fúngicas aloctonas (introducidas o invasoras) en el país, tema importante en el contexto de cambios en el uso del suelo y del cambio climático regional. Finalmente incrementa la evidencia para una diversidad considerable de hongos en zonas de clima extremo como en el desierto de Atacama o la alta montaña, que hace poco eran terra incognita en términos de su micobiota. Para enfrentar las tareas pendientes, claramente se requiere más formación de micólogos en las academias nacionales, más financiamiento para la investigación de diversidad y distribución de hongos chilenos, así como más información al público general sobre la importancia de la parte fúngica del patrimonio biológico nacional.

ESTUDIOS QUÍMICOS EN LÍQUENES CHILENOS. (Chemical studies in chilean lichens)

Rubio C[1], Quiñones N[1], Cuellar M[1], Quilhot W[1], [1]Escuela de Química y Farmacia, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso.

El estudio de productos secundarios en líquenes de Chile se inició a fines de 1930 por liquenólogos europeos. En la década del 70 estos estudios se continuaron por especialistas chilenos en la Universidad de Chile Sede Valparaíso con el propósito de conocer la diversidad, distribución y variabilidad de estos productos a nivel de género y especie, dado que se consideraban incompletas las determinaciones que no incluían los caracteres químicos. Los compuestos secundarios de origen liquénico, la mayoría únicos de estos organismos, que incluyen derivados de acetatato-polimalonato, ácido mevalónico y ácido chiquímico, se acumulan en concentraciones que pueden alcanzar valores cercanos a 20%. Se estima que se conoce la química de alrededor del 10 % de las especies liquénicas presentes en Chile continental, insular y del territorio antártico. Se ha sugerido que si estos compuestos no tienen un valor adaptativo el elevado costo energético de su síntesis conduciría a su desaparición; hoy se conoce que la relación liquen ambiente es dependiente de la síntesis y acumulación de estos productos. Por sus múltiples roles biológicos estos compuestos se proyectan para usos en las áreas farmacéutica, cosmética y agropecuaria. Agradecimientos: Direcciones de Investigación de Universidad de Chile Sede Valparaíso, Universidad de Valparaíso y Universidad Técnica Federico Santa María, Instituto Antártico Chileno, Servicio de Desarrollo Científico, Artístico y de Cooperación Internacional, Universidad de Chile, FONDECYT, Iniciativa Darwin, Unión Europea.

HONGOS ORQUIDIOIDES: ECOLOGÍA Y APLICACIONES (Orchidioid fungi: ecology and applications)

Atala C[1], Pereira G[2], [1]Instituto de Biología, Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[2]Departamento de Ciencia y Tecnología Vegetal, Campus Los Ángeles, Universidad de Concepción.

Las micorrizas son asociaciones simbióticas mutualistas entre las raíces de las plantas y determinados hongos del suelo. Existen 7 tipos reconocidos, incluyendo las micorrizas orquidioides. Estas son un tipo particular que se encuentra únicamente en la familia Orchidaceae, familia de plantas micoheterotróficas obligadas. Los hongos son vitales en los estados tempranos ya que inducen la germinación y sostienen el crecimiento de la planta hasta la aparición de las hojas. En plantas adultas los hongos forman pelotones dentro de las células parenquimáticas de la corteza. La mayoría de las especies de hongos que forman estas micorrizas pertenecen al género-forma *Rhizoctonia* que incluye especies de *Ceratobasidium*, *Sebacina*, *Thanatephorus* y *Tulasnella*. Morfológicamente, presentan hifas tabicadas, células monilioides, ramificaciones en ángulo recto, constricción de hifas en el septum, entre otras. En Chile, plantas adultas de orquídeas de los géneros *Bipinnula*, *Chloraea*, *Gavilea* y *Codonorchis* se asocian con estos hongos. Las orquídeas dependen de estos hongos y su distribución y abundancia podría estar limitada por la distribución y abundancia de hongos orquidiodes, especialmente para relaciones específicas, algo muy importante en especies en peligro de extinción. Algunos de los hongos aislados de estas especies tienen un efecto biocontrolador sobre el hongo patógeno *Rhizoctonia solani*, presentando buen potencial biotecnológico. El estudio de las micorrizas orquidioides es muy importante para entender la biología de este grupo complejo de plantas y también para su aplicación como biocontrolador y en la conservación y propagación de orquídeas nativas.

Agradecimiento: DI regular 039.333/2016 (PUCV) – VRID-UdeC, 214.418.006-1.0.

AVANCES EN EL CONOCIMIENTO DE LA DIVERSIDAD DE LÍQUENES EN CHILE (Advances in the knowledge of Chilean lichens)

Vargas Castillo R[1], [1]Herbario Federico Johow, Departamento de Biología, Ciencias Básicas, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación.

Los líquenes corresponden a la asociación de características mutualistas ectosimbióticas entre a lo menos un hongo ectomicorrízico heterótrofo y un simbionte fotosintético. El componente fúngico se considera como obligado, en tanto que el componente algal suele ser facultativo. En Chile, el conocimiento del grupo es bajo, tanto en términos de su diversidad, como de su ecología y aspectos macro y microevolutivos. Sin embargo, en el último tiempo se ha establecido la necesidad de su estudio, tanto con el afán de mejorar nuestro conocimiento de este grupo en el país, como el de generar medidas apropiadas que permitan proteger a este grupo en el contexto del desarrollo urbano e industrial. Para Chile, existe un catálogo con cerca de 1400 especies, que está pronto a cumplir 20 años. Con el fin de conocer los avances en el conocimiento de este grupo en el país, se ha comenzado la elaboración de un catálogo de los líquenes potencialmente presentes en el país, basado tanto en información bibliográfica como en la revisión de material de herbario y de diferentes colecciones. Del mismo modo, se presentan avances en el conocimiento de aspectos macro y microevolutivos del grupo en el país.

MECESUP UMC0204, SYNTHESYS DK-TAF179, NATGEO SCRE #9578-14, DIUMCE FGI EX 17-15, INACH RT_01-13

ESTUDIOS SOBRE *MYXOMYCETES* EN CHILE. (Studies of myxomycetes in Chile)

Sepúlveda-Valenzuela G A[1], [1]Área de Botánica Museo Natural de Historia Natural.

Se dará a conocer el artículo en desarrollo sobre los estudios en *Myxomycetes* en Chile. El objetivo principal de ese artículo en desarrollo consiste en hacer una revisión bibliográfica y generar un *checklist* de las especies descritas en Chile. En el simposio se expondrá los principales hitos en la historia del estudio de estos organismos en nuestro país, destacando los aportes más significativos, desde Bertero (1828) hasta Ronikier y Lado (2015). También se informara del trabajo que se está realizando en el Museo Nacional de Historia Natural de Chile, respecto a la generación de la primera colección de *Myxomycetes* de Chile y los próximos desafíos que se propone el equipo micológico del Área de Botánica del Museo.

SIMPOSIO

CONNEXINS AND PANNEXINS IN THE NERVOUS SYSTEM PHYSIOLOGY AND PATHOLOGY

Coordinador: Juan Carlos Saéz

NEUROGLIAL INTERACTIONS AND ACTIVITY-DEPENDENCE OF CONNEXIN CHANNELS IN THE OLFACTORY BULB

Giaume, C. Center of Interdisciplinary Research in Biology, Collège de France, Paris

Because they express a high rate of connexins (Cx43, Cx30) astrocytes have the capacity to communicate through gap junction (GJ) channels and hemichannels (HCs). This adds another level of complexity when considering the contribution of neuroglial interactions to brain functions. We studied how neurons and astrocytes reciprocally modulate their network properties in olfactory glomeruli where neuronal connectivity is highly ordered. We observed: (1) a compartmentalized organization of GJ-mediated astroglial networks that overlaps neuronal functional units; (2) that these networks are plastic and modulated by neuronal activity. Interestingly, this modulation specifically targets Cx30-mediated GJ communication within glomeruli and depends on extracellular potassium generated by neuronal activity. Then, we addressed the contribution of astroglial Cxs to neuronal network activity. We observed that mitral cells (MCs) exhibit spontaneous and periodic activity (<1Hz) similar to the 'slow' wave oscillations recorded during slow wave sleep. UP and DOWN state fluctuations of MC membrane potential depend on glutamatergic interactions that take place at the level of the glomeruli. Importantly, these slow oscillations are modulated by the expression of Cxs. Indeed, in mice devoided of astroglial Cxs, the amplitude of slow oscillations is impaired. Also TTX treatments affect the UP state amplitude and firing rate of MCs. Those alterations are mimicked by a blockage of Cx43 HCs in the Cx30 KO mice. These results indicate that Cx43 HC function is promoted by neuronal activity and modulates neuronal network activity. Altogether these results indicate that astroglial Cxs play a role in bidirectional interactions between astroglial and neuronal networks.

Supported by the ANR AstroSleep N°12-BSV4-0013-01.

MOLECULAR MECHANISM IN SYNDROMIC DEAFNESS ASSOCIATED WITH MUTATIONS IN CX26 GENE

Martínez, A.D. Maripillán,J., Jara, O. , González,C., García, I. Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso. Facultad de Ciencias. Universidad de Valparaíso. Valparaíso.

About fifty percent of genetic deafness cases are consequence of mutations in the Cx26 gene (GJB2 gene) causing sensorineural hearing loss due to malfunctioning of the cochlea in the inner ear, with a predicted frequency of 1 out of 5,000 born children. Most missense mutations of Cx26 are recessive but some of then are dominant mutations that can produce syndromic deafness, like KID syndrome, in which profound deafness is associated to severe skin diseases. Our main goal is to answer the following question: Why do only certain Cx26 mutations lead to the KID syndrome? We used heterologous expression systems, like HeLa cell and Xenopus leavis oocytes to express wild type and mutants Cx26. To study the mechanism of mutations we used: mutagenesis, biochemical, biophysics, electrophysiology and molecular modeling techniques. Our results indicate that KID mutations targeting the amino terminal domain (NT) of Cx26 eliminate the Vj gating mechanism that closes the HCs at depolarizing potentials, and produces channels that remain open for longer times. Moreover, KID-linked Cx26 mutants show altered oligomerization compatibility, allowing aberrant interactions with Cx43 and formation of highly hyperactive heteromeric HCs. Since Cx26 and Cx43 are co-expressed in cochlea and skin, the finding that mutant Cx26 can oligomerize with Cx43, further supports the hypothesis that KID síndrome results from gain-of-HC function. Consistent with this hypothesis, we found that hyperactive HCs increase the intracellular free Ca^{2+} concentration to 400-600 nM, values that are in the range needed to increase the activity of Cx43 HCs by a Ca^{2+}/calmodulin (Ca^{2+}/CaM)-dependent mechanism.

This work was supported by Fondecyt #1130855 (to ADM) and Fondecyt Postdoctoral #3150634 (to IEG) and CINV-UV Chilean Millennium Institute (P09-022-F

CONTRIBUTION OF HEMICHANNEL ACTIVITY TO ALS ASTROCYTE-INDUCED MOTONEURON TOXICITY

van Zundert[1*], B., Cortés[1], N., Cea[2], L.A., Aldrete[1], E., Garcia[1], P., Oyarzun[1], M., Fernández[2,3] P. and Saéz[2,3*].J.C. [1]Center for Biomedical Research, Universidad Andres Bello, [2]Department of Physiology, Pontificia Universidad Católica, [3]Instituto Milenio, Centro Interdisciplinario de Neurociencias de Valparaíso. (bvanzundert@unab.cl)

Our laboratory seeks to elucidate the primary cellular and molecular mechanisms underlying amyotrophic lateral sclerosis (ALS), a fatal, paralytic disorder caused by degeneration of motoneurons. It is well evidenced *in vitro* and *in vivo* that deadly neighboring cells contribute to the pathogenesis of ALS by releasing unidentified neurotoxic factor(s). Particularly, astrocytes expressing mutated SOD1 ($SOD1^{G93A}$) release toxic factor(s) that kill motoneurons, however, the exact mechanism underlying the non-cell-autonomous toxicity is not completely understood. Using astrocyte conditioned media (ACM) derived from $hSOD1^{G93A}$ transgenic mice (ACM-$hSOD1^{G93A}$), we have established a sequence of events in which astrocytic soluble factor(s) rapidly induces neuronal hyper-excitability (<15 min), which in turn increases Ca^{2+} influx, and through ROS triggers c-Abl signaling that lead to motoneuron death days later. In this current study, we analyzed the expression of connexin hemichannels, pannexin hemichannels, and $P2X_7$ receptors in astrocytes and motoneurons. Additionally, we studied the contribution of these channels to motoneuron toxicity mediated by ACM-$hSOD1^{G93A}$. The recent progress of our work will be presented.

Acknowledgments
This work was supported by ALS Therapy Alliance-2014-F-034 (to BvZ), Conicyt-DRI USA.2013-0030 (to BvZ), and Chilean Science Millennium Institute P09-022-F (to JCS).

CHEMICAL SYNAPSIS CONTROLS THE EXPRESSION AND FUNCTION OF HEMICHANNELS IN FAST SKELETAL MUSCLE FIBERS

Sáez[1,2], J.C., Vargas[1], . , Escamilla[1,2] R. and Citerna[1,2] B. [1]Departamento de Fisiología, Pontificia Universidad Católica and [2]Instituto Milenio, Centro Interdisciplinario de Neurociencias de Valparaíso

Denervated skeletal muscles undergo atrophy, which is associated with an increase in sarcolemma permeability and directly related to negative protein balance. However, the molecular mechanisms and sequence of events responsible for these alterations are part of old questions that remain largely unknown. Since the earliest changes detected in denervated fast muscles correspond to drop in resting membrane potential (RMP) and ionic imbalance not explained by changes in activity of membrane transporters or traditional ionic channels, we studied the possibility of *de novo* expression of non-selective channels. First, we found *de novo* expression of connexins (Cxs) 39, 43 and 45 as well as $P2X_7$ receptor, TRPV2 channel and up-regulation of Panx1. The expression of Cx43 and Cx45 was sufficient to explain the increase in membrane permeability to small dyes. In a systematic study, we then found the following sequential changes 1) expression of Cxs and membrane permeabilization via Cx hemichannels, 2) drop in RMP, increase in intracellular Ca^{2+} and Na^{+} signals and increased levels of members of signaling pathways involved in protein synthesis and degradation, 3) negative protein balance and 4) reduced cross section area of myofibers. All the above changes were either absent or drastically reduced in denervated myofibers deficient in Cx43 and Cx45 expression. The expression of Cx43/Cx45 HCs was repressed by inhibition of Cx HCs or activation of nicotinic acetylcholine (ACh) receptors (nAChRs). These changes were not mimicked by other nerve-derived factors (ATP, NGF and BDNF). Therefore, activation of AChR represses the expression of Cxs in normal muscles.

SIMPOSIO

CULTIVO DE SALMÓNIDOS Y LAS PATOLOGÍAS IMPORTANTES EN AGUA DULCE Y MAR.

Coordinador: Jaime Figueroa

GENES DE RESISTENCIA ANTIBIÓTICA EN CEPAS CHILENAS DE *PISCIRICKETTSIA SALMONIS*, UN ANÁLISIS GENÓMICO. (Antibiotic resistance genes in national strains of Piscirickettsia salmonis, a genomic analysis)

Figueroa J[1], Diana C[1], Fernando L[1], Carlos C[1], Denise H[1], [1]Bioquimica y Microbiología, Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Una de las enfermedades más perjudiciales que afecta al cultivo del salmón en Chile, es Piscirickettsiosis, provocado por la bacteria *Piscirickettsia salmonis*, un patógeno Gram negativo e intracelular facultativo. Para tratar esta enfermedad bacteriana, en Chile se han usado altas dosificaciones de antibióticos y vacunaciones masivas. Se seleccionaron 10 genomas de cepas nacionales y se compararon *in silico* con la cepa de referencia LF-89. El análisis global indica que todas presentan ~135 genes implicados en resistencia a antibióticos, destacando bombas para Florfenicol y Oxitetraciclina y transportadores multidrogas. A partir de 10 genes implicados directamente en resistencia a ambos antibióticos, se comparó secuencias nucleotídicas y aminoacídicas. Se identificó y analizó el número de SNPs en cada secuencia nucleotídica y su eventual relación con la resistencia a los antibióticos, comparando con la cepa LF-89, la cual posee un número similar de genes de resistencia, pero es altamente susceptible. Se construyó un árbol filogenético basado en SNPs, para seleccionar cepas representativas por cada genogrupo y evaluar la concentración mínima inhibitoria (CIM) para estos antibióticos y el nivel de expresión en los genes seleccionados en base a RT-qPCR. Así, se seleccionaron 3 cepas (LF-89, IBM009 e IBM012), y se correlacionó en número de SNPs en los genes de resistencia, con los valores de CIM. La resistencia a ambos antibióticos varía entre las distintas cepas, siendo más susceptible las cepas con menor número de SNPs. Esto fue evidenciado al analizar *in silico* la estructura 3D de las proteínas codificadas por los genes seleccionados, observándose cambios notorios, en las secuencias con mayor número de SNPs. Así, genes descritos como de resistencia a Oxitetracilina y/o Florfenicol, pareciera tener una estrecha relación entre SNPs y la susceptibilidad a los fármacos. Estas mutaciones provocan cambios en la estructura 3D de los polipéptidos, altera la función de las proteína y provocan disminución de la susceptibilidad, que en las cepas IBM-009 e IBM-012, no estaría vinculado con el número de genes de resistencia presentes en cada cepa, ya que estos generan cambios estructurales en la proteica, cambiando el grado de eficiencia y actividad de las proteínas sintetizadas.

Proyectos FONDECYT 1130069 y Centro FONDAP (INCAR) 15110027.

MODULACIÓN EPIGENÉTICA DE LA RESPUESTA INMUNE EN CÉLULAS DE SALMÓNIDOS INFECTADAS CON EL VIRUS DE LA NECROSIS PANCREÁTICA INFECCIOSA (IPNV).

Carcamo J G[1,2], Manríquez R[1], Vera T[1], Avendaño-Herrera R[2], Hernández S F[1,2], [1]Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.[2]Interdisciplinary Center for Aquaculture Research (INCAR).

El virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV) es el patógeno viral de más alta diseminación en salmónidos. El síndrome provocado por este virus es causal de millonarias pérdidas en la industria salmonera, debido principalmente a la alta mortalidad generada en salmónidos en etapa de agua dulce, alcanzando hasta un 90%, cuando la infección se debe a cepas de alta virulencia. En la infección in vivo, mientras el virus se replica, se activa la respuesta antiviral del sistema inmune del pez huesped. El principal mecanismo de respuesta a infección viral es la activación del sistema interferón (IFN). Se ha sugerido que IPNV es capaz de modular la señalización de IFN y así contrarrestar la defensa innata del huésped. El mecanismo por el cual IPNV interacciona con al sistema IFN aun no ha sido dilucidado. En nuestro laboratorio, utilizando la linea celular RTS-11 (monocito /macrofago de trucha arcoiris), hemos estudiado el efecto de la infección de IPNV sobre mecanismos de modulación epigenetica asociados a los promotores de dos citoquinas de respuesta antiviral, IFN1 y IFNγ2. Estos estudios nos han permitido demostrar que solo IFNγ2 presenta islas CpG en su promotor, y que éstas se metilan durante la infección con IPNV. Esta hipermetilación del promotor es concordante con aumentos de expresión de DNA metil transferasa (DNMT). Asimismo, durante la infección ocurren aumentos de la acetilación de histonas H4 en la regiones de ADN asociadas a los promotores de ambas citoquinas (IFN1 y IFNγ2). Este efecto se coincide con aumentos de expresión de Histona acetil transferasa (HAT), asi como también, la disminución posterior en la acetilación de histonas H4, se correlaciona con aumentos en la expresión de Histona desacetilasa (HDAC). Estos resultados muestran que durante la infección de IPNV, diferentes mecanismos de regulación epigenética son modulados a nivel de los promotores de dos citoquinas de respuesta antiviral, IFN1 y IFNγ2, y que esto podría asociarse con la modulación de la defensa innata observada en salmonidos infectados con IPNV.

Fondecyt 1150903, Fondef D08I1096 y Fondap INCAR 15110027, CONICYT-CHILE.

DID-UACH, Universidad Austral de Chile.

ANÁLISIS DEL ESTADO DEL CONOCIMIENTOS DE LOS PATÓGENOS BACTERIANOS QUE AFECTAN EL CULTIVO DE SALMÓNIDOS EN AGUA DULCE: UNA TAREA PENDIENTE

Avendaño-Herrera R[1], Bethke, J J[1], Quezada, J[1], Morán, F F[1], Tapia, D[1], Irgang, R R[1], Poblete-Morales, M[1], [1]Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

La salmonicultura es el segundo sector productivo más importante de Chile después del cobre, y ha crecido exponencialmente durante los últimos 20 años llegando a producir sobre 800.000 toneladas en el año 2014. Estos niveles de producción posicionan al país como el primer productor de trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*) y salmón coho (*Oncorhynchus kisutch*), y el segundo productor de salmón del Atlántico (*Salmo salar*) a nivel mundial. Sin embargo, este aumento acelerado de la producción ha tenido implicancias negativas sobre las condiciones sanitarias, aumentando el riesgo a sufrir infecciones por distintos tipos de microorganismos, especialmente bacterias. A la fecha, *Piscirickettsia salmonis* ha sido el centro de investigaciones, normativas y financiamiento económico, obviando otros microorganismos que afectan a los peces cultivados en la etapa de agua dulce, incluyendo *Flavobacterium psychrophilum* y *Renibacterium salmoninarum* y sobre los cuales existe escasa información científica y epidemiológica. Probablemente, los menores costos asociados a las pérdidas por mortalidad, tratamientos y medidas sanitarias para estos patógenos bacterianos dulceacuícolas, generan que la prioridad sea *P. salmonis*. Sin embargo, estas infecciones ocurridas en agua dulce podrían determinar la calidad de los peces que son transferidos a engorda en mar. En el presente trabajo revisa en profundidad el estado del conocimiento biológico, epidemiológico y mecanismos de virulencia de los aislados chilenos de ambos patógenos. Asimismo, se abordan las medidas de control y preventivas que se aplican en el país y se identifican brechas regulatorias con el fin de ayudar a corto plazo a disminuir el impacto de estas infecciones durante la etapa de agua dulce

Proyectos FONDECYT 1150695 y FONDAP 15110027.

EFECTO DEL ESTRÉS DE DENSIDAD DE CULTIVO SOBRE LA INMUNIDAD DE PECES SALMÓNIDOS. (Stress by stocking density and its effect on salmonid immunity)

Romero A[1,2], [1]Patología Animal, Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile.[2]Centro INCAR Interdisciplinary Center for Aquaculture Research.

En peces, existe una relación directa entre la densidad de cultivo, la respuesta a estrés y la aparición y gravedad de enfermedades infectocontagiosas. Estudios recientes han descrito el aumento de la susceptibilidad a enfermedades en peces sometidos a altas densidades de cultivo. Cabe destacar que dentro de los patógenos relacionados a este tipo de enfermedades se encuentran Vibrio ordalii, Flavobacterium psychrophilum y Piscirickettsia salmonis, siendo las especies más afectadas Salmo salar (Salmón del Atlántico), Oncorhynchus kisutch (Salmón Coho), Oncorhynchus tshawytscha (Salmón Chinook), Oncorhynchus mykiss (Trucha Arcoiris), Salmo trutta (Trucha Marrón), Sparus aurata (Dorada), Dicentrarchus labrax (Lubina) y Plecoglossus altivelis (Ayu). Concomitante a estos resultados, se ha descrito que, altas densidades de cultivo se relacionan con elevados niveles de cortisol, lo cual afectaría parámetros inmunes en los peces tales como: disminución de la actividad citotóxica y producción de inmunoglobulinas por parte de linfocitos y disminución de la fagocitosis y estallido respiratorio en macrófagos. Este efecto es mediado por el receptor de glucocorticoides (GR), expresado en distintos tipos celulares y que intervienen en la acción de cortisol a nivel intracelular, activando la transcripción de genes asociados a proteínas con acción antinflamatoria como IkBalpha y disminuyendo la expresión de proteínas como el factor de transcripción de citoquinas NFkB. Finalmente, la densidad de cultivo tiene un impacto significativo sobre la manifestación de enfermedades infecciosas en peces y sugiere fuertemente la necesidad de estudiar esta problemática como un aspecto importante para la sustentabilidad de la industria acuícola.

Fondecyt 1141006 y Fondap 15110027

SIMPOSIO

ENDEMISMO EN PLANTAS CHILENAS Y REGIONES VECINAS

Coordinador: Andrés Moreira

ENDEMISMO FILOGENÉTICO Y SUS PATRONES EN LA FLORA VASCULAR DE CHILE (Patterns of phylogenetic endemism in the vascular flora of Chile)

Scherson R[1], Urbina-Casanova R[1], [1]Departamento de Silvicultura y Conservacion de la Naturaleza, Facultad de Ciencias Forestales y Conservacion de la Naturaleza, Universidad de Chile.

El endemismo en una de las principales consideraciones al definir prioridades de conservación, y una de las áreas más estudiadas en biogeografía. Un territorio endémico se ha definido como un área de distribución de taxa no estocástica, o como un lugar donde al menos se encuentran dos taxa endémicos no relacionados. El endemismo está muy relacionado con la idea de área irreemplazable, y en consecuencia con la vulnerabilidad de una zona. Chile es un territorio altamente endémico ya que actúa como isla biogeográfica y concentra linajes únicos y de diferente origen espacial y temporal. Al incorporar información filogenética, podemos entender el endemismo como la concentración geográfica de historia evolutiva, no sólo de taxa individuales sino también de linajes en cualquier nivel del árbol de la vida, concepto denominado Endemismo Filogenético. Con este concepto, se analizaron los patrones espaciales de endemismo para la flora vascular de Chile continental. El endemismo tradicional muestra un patrón conocido, concentrándose en la zona central de Chile, coincidente con el hotspot de biodiversidad. Sin embargo, los patrones de endemismo filogenético difieren, destacando zonas significativas de paleo endemismo en el sur del país, y de neo endemismo en el norte. Esto tiene sentido desde el punto de vista de la geología y el origen de los linajes que habitan las distintas zonas. Además, este tipo de análisis entrega una perspectiva evolutiva que puede apoyar estrategias de conservación en zonas que aún no son prioritarias.

Fondecyt 11121579.

PATRONES DE DISTRIBUCIÓN ESPACIAL DE LA FLORA ARBÓREA ENDÉMICA DE CHILE

Pliscoff P[1], [1]Ecologia, Ciencias Biologicas, Universidad Catolica de Chile.

Una de las características más relevantes de la flora arbórea de Chile, es su alto nivel de endemismo tanto a nivel de especies como de géneros. Conocer y caracterizar espacialmente la distribución actual de las especies arbóreas endémicas, es de gran relevancia desde el punto de vista biogeográfico como de la conservación biológica. Los antecedentes obtenidos de la caracterización espacial de la distribución permiten explicar patrones evolutivos y ecológicos, así como también conocer el estado de amenaza actual de cada una de las especies de flora arbórea endémica. Mediante la técnica de los modelos de distribución de especies, se definió la distribución espacial potencial de las especies de flora endémica de Chile, utilizando para esto superficies climáticas como variables ambientales predictivas. A partir del modelo de distribución potencial, se definió la extensión actual de la distribución de cada especie, extrayendo del modelo potencial el área que se ha convertido a distintos usos de suelo antrópicos (agrícola, forestal, urbano), utilizando para esto clasificaciones de uso de suelo a escala nacional. Los patrones de distribución son analizados comparando su distribución potencial y la extensión actual, estableciendo relaciones con los principales patrones climáticos y biogeográficos a escala nacional.

Fondecyt Iniciación n°11140357

ENDEMISMO EN EL SUR DE PERÚ

Montesinos-Tubée D[1], [1] Naturalis Biodiversity Centre, Botany Section, National Herbarium of The Netherlands.

Los niveles de endemismo en Perú son elevados en comparación con otros países de Sudamérica, esto se da por la mega diversidad de ecosistemas que presentan las tres grandes regiones geográficas: Costa, Sierra y Selva. Se registran un total de 5509 taxones endémicos para Perú que corresponden al 28%. Este porcentaje varía si se consideran las nuevas especies descritas para la flora peruana en los últimos 10 años. El sur de Perú (incl. 10 dptos.) se compone de poco más de 2000 especies endémicas que equivalen al 36% del total registrado a nivel nacional. Cerca del 70% de taxones endémicos se encuentran categorizados según la IUCN. Las áreas con vacíos de información incluyen más de 18 sitios localizados en los Andes, la mayoría de ellos ubicados en los departamentos con mayor endemismo y rareza. En el marco de un proyecto de investigación taxonómica para el sur de Perú, he descrito ocho especies nuevas en los últimos siete años para los departamentos de Arequipa y Moquegua, número que seguirá en aumento a futuro. Las familias botánicas con mayor riqueza de especies endémicas para la flora del sur de Perú son: Orchidaceae, Asteraceae, Piperaceae, Fabaceae, Bromeliaceae, Cactaceae, Melastomataceae, Gentianaceae y Calceolariaceae.

Agradecimientos a Agradecimientos la beca Fondecyt 1150425 por los gastos de viaje. Reconocimientos a I. Al-Shehbaz, A. Kool, P. Gonzáles, A. Pauca y S. von Mering.

PATRONES DE DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES NATIVAS Y ENDÉMICAS DE LOS GÉNEROS *SENECIO* (ASTERACEAE) Y *CALCEOLARIA* (CALCEOLARIACEAE) EN CHILE Y ARGENTINA (Distribution patterns of native and endemic species of the genus Senecio (Asteraceae) and Calceolaria (Calceolariaceae) in Chile and Argentina)

Elías G[1,2], Moreira-Muñoz A[3], [1]Ciencias Básicas y Tecnológicas, Biología, Universidad Nacional de Chilecito.[2]Biogeografía Instituto de Botánica Darwinion.[3]Instituto de Geografía, Facultad de Ciencias del Mar y Geografía, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Chile central es considerado un centro global de diversidad botánica; especialmente relevante resulta sus altos niveles de endemismo. El origen del endemismo ha sido relacionado tanto con eventos biogeográficos históricos como con radiaciones modernas en algunos grupos. Ello mediado de distintas formas por el alzamiento andino y la intensificación de la aridez en la Diagonal Árida de América del Sur. Por ello resulta de interés analizar los patrones de riqueza y endemismo en los Andes tanto de Chile como Argentina. Se analizó los patrones de distribución de especies nativas y endémicas de los géneros *Calceolaria* (Calceolariaceae) y *Senecio* (Asteraceae) en Argentina y Chile. Para el análisis de las distribuciones se utiliza el programa VNDM/NDM, que detecta las áreas de distribución congruente de dos o más especies. Con el fin de explorar los patrones de distribución a diferentes escalas se utilizó tres tamaños de retícula. En el análisis se incluyó en forma separada las especies nativas y endémicas de *Calceolaria* (Calceolariaceae) y de *Senecio* (Asteraceae). Se identificaron distintos patrones de distribución asociados a la cordillera de los Andes, agrupados en la región Norte de Argentina, abarcando las provincias fitogeográficas del Monte y la Puna, y en la región central de ambos países, correspondiente a las provincias del Monte y Patagónica de Argentina y Chile central entre las regiones de Coquimbo y del Biobío. En el patrón norte del área de estudio se hallan, principalmente los centros de endemismo del género *Calceolaria*, mientras que en la parte central se ubican los centros de mayor diversidad de *Senecio* y *Calceolaria*. Estas áreas obtenidas corresponden a ambientes con una marcada variación altitudinal y de aridez. La Diagonal Árida (norte de Chile y sureste de Argentina) y la cordillera de los Andes actúan como las barreras climáticas y geomorfológicas más evidentes del Cono Sur, sin embargo, para ciertos grupos como los estudiados, los Andes también actúa como corredor de dispersión. A continuación, se debe realizar análisis complementarios al de distribución, como estudios filogenéticos que ayuden a relacionar los patrones geográficos con los eventos evolutivos en grupos especialmente diversos de los Andes australes.

Financiamiento Fondecyt 1150425.

RADIACIÓN EN LAS ALTURAS: PATRONES DE RIQUEZA, DIVERSIDAD, RECAMBIO Y ENDEMISMO DE LA FLORA DE ASTERACEAE DE LOS ANDES. (Radiation in the high elevations: patterns of richness, diversity, turnover and endemism of the Asteraceae flora in the Andes)

Diazgranados M[1], Moreira-Muñoz A[2], [1]Natural Capital and Plant Health Department Royal Botanic Gardens, Kew.[2]Instituto de Geografía Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. (Sponsored by Andrés Moreira-Muñoz)

La Cordillera de los Andes es el complejo montañoso más extenso, ancho y de mayor altitud promedio del mundo. Abarca todos los rangos climáticos posibles, desde los ambientes más secos hasta los más húmedos, y desde los más cálidos a los fríos de las nieves perpetuas. Desde el punto biológico, incluye el *hotspot* de Biodiversidad Andes Tropicales, considerado el más biodiverso e importante. Se estima que a lo largo de la cordillera puede haber unas 50.000 especies de plantas (~50% endémicas). Sin embargo, los patrones que configuran la biodiversidad andina aún no se han estudiado en detalle. La familia Asteraceae es un excelente modelo de estudio en los Andes, por ser una de las más abundantes y diversas, y con mayor grado de endemismo. Se estima que existen unas 3.000-3.500 especies andinas de la familia, con orígenes tanto ancestrales como recientes. Este trabajo busca entender los patrones de riqueza, recambio de especies y endemismo de la familia Asteraceae a lo largo de los Andes, para entender los mecanismos que han facilitado la radiación de la familia en estos ambientes, e identificar posibles áreas de importancia para la conservación. Como primer paso de este programa de estudio de largo plazo, se están compilando y analizando todos los registros georreferenciados de Asteraceae en las diferentes bases de datos de colecciones biológicas, y se están llevando a cabo análisis a partir de estimadores de riqueza, índices de diversidad, modelos de beta-diversidad, selección reversa y frecuencia de muestreo. Los resultados, además, permitirán identificar áreas con vacíos de muestreo, y proyectar próximas campañas de terreno para develar aspectos sobre los usos actuales y ancestrales de las especies de la familia.

Fondecyt 1150425

SIMPOSIO

CHEMOREFLEXES IN HEALTH AND DISEASE: A VIEW FROM THE CENTRAL AND PERIPHERAL.

Coordinador: Rodrigo Del Río

CHEMOREFLEXES : A MAJOR COMPONENT OF ADAPTATION TO HIGH ALTITUDE/HYPOXIC ENVIRONMENT

Richalet, J.P., Voituron, N. , Hermand, E., Jeton, F., Lhuissier, F.
Laboratoire « Hypoxie et poumon », EA2362, Université Paris 13, Sorbonne Paris Cité

The decrease in O2 pressure in the hypoxic conditions, either at high altitude or in disease, induces physiological responses mediated through oxygen sensing systems. Among those responses, chemoreflexes play a major role, especially during the initial phase of exposure to hypoxia. Peripheral chemoreceptors (carotid bodies) and central receptors (retrotrapezoid nucleus) and sensitive to hypoxia and hypercapnia and modulate the activity of the Respiratory rhythm generator. Our experimental was to determine the role of erythropoietin (Epo) on those mechanisms in various animal models: a model of transgenic anemic mice under-expressing Epo (EpoTagh), and the Pika (Ochotona curzoniae) a lagomorph genetically adapted to high altitude on the Tibetan plateau. We showed that Epo was necessary for the ventilatory acclimatization in EpoTagh mice and that nNOS and NMDA receptors are overexpressed in the medulla of Pikas. In humans, the sensitivity to hypoxia of the carotid bodies is a determinant factor for acclimatization to high altitude. A prospective cohort study on 1017 subjects has shown that the ventilatory response to hypoxia at exercise is predictive of the occurrence of severe high altitude illnesses (SHAI). From clinical evaluation and physiological response to hypoxia measured during a hypoxia exercise test, a predictive score of SHAI was calculated, which the detection of high-risk subjects. Instability of the control of ventilation has been evidenced during exercise in hypoxia, with oscillations of ventilation with a period of 12 seconds. The mechanisms of this instability is linked to the gain of the O2 and CO2 response, as well as other factors such as dead space and cardiac output.

APNEA OBSTRUCTIVA DEL SUEÑO E HIPERTENSION: PAPEL CRUCIAL DEL LOS QUIMIORRECEPTORS DEL CUERPO CAROTIDEO

Iturriaga R[1], [1]Laboratorio de Neurobiologia, Ciencias Biologicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

The main feature of obstructive sleep apnea (OSA) is the chronic intermittent hypoxia (CIH), which is associated with autonomic alterations and cardiovascular diseases. Indeed, OSA is considered as an independent risk factor for hypertension and stroke. Oxidative stress, inflammation and sympathetic activation have been proposed as plausible mechanisms involved in the hypertension induced by OSA. However, evidence for pathogenic mechanisms has been difficult to establish in OSA patients because of concomitant comorbidities. Therefore, animal exposed to intermittent hypoxia are used to study the pathological consequences of exposure to intermittent hypoxia. New experimental evidences support the idea that an enhanced carotid body (CB) responsiveness to hypoxia is involved in the autonomic changes induced by OSA and the hypertension. This proposal received support from neural recordings of carotid chemosensory discharges showing that intermittent hypoxia increases baseline normoxic discharges and the responses to hypoxia. Nitro-oxidative stress plays an essential role in the CIH-induced carotid chemosensory potentiation and in the hypertension. Indeed, the administration of antioxidants concomitantly with the onset of the intermittent hypoxia eliminated the CB chemosensory potentiation and the elevated arterial pressure, suggesting a common or causal mechanism. To reveal the origin of the intermittent hypoxic-induced hypertension, we performed selective ablation of the CB chemoreceptors. Under anesthesia, the CBs were cryogenically destroyed from hypertensive rats, which were exposed to CIH for 21 days. The removal of the CBs markedly decreases the elevated arterial blood pressure, suggesting that the maintenance of the hypertension is critically dependent on the intermittent hypoxic stimulation of the CB chemoreceptors. Our results indicate that the CB plays a main role in the progression of the CIH-induced hypertension.

Supported by FONDECYT 1150040

CENTRAL CHEMORECEPTORS IN HEART FAILURE: ROLE IN DIASTOLIC DYSFUNCTION.

Del Rio R[1], [1]Laboratory of Cardiorespiratory Control Universidad Autónoma de Chile. (Sponsored by Rodrigo Del Rio)

Heart failure with preserved ejection fraction (HFpEF) is characterized by decreased ventricular compliance and autonomic imbalance. Tonic and episodic chemoreflex activation contributes to autonomic imbalance in heart failure and is associated with poor prognosis. We sought to determine if the sensitivity of central chemoreceptors (CC) is enhanced in an animal model of HFpEF, and whether acute activation of CC exacerbates cardiac dysfunction. Volume overload (a-v anastomosis) was used to induce HFpEF in adult male Sprague-Dawley rats. Ventilatory responses to acute hypercapnia (F_iCO_2-7% in O_2) were measured by plethysmography to assess CC sensitivity, and a conductance catheter was used to measure pressure-volume relationships as a measure of cardiac function. Neuronal activation was assessed by measuring FosB expression in brainstem micropunches from chemosensitive regions of the retrotrapezoid nucleus (RTN) and pre-sympathetic regions of the rostral ventrolateral medulla (RVLM). Ejection fraction did not differ between HFpEF and sham rats(51±3 vs. 50±7 %, HFpEF vs. sham). HFpEF rats compared to sham rats exhibited cardiac hypertrophy (heart/body weight, 6.1±0.3 vs. 4.0±0.5 mg/g, HFpEF vs. sham), pulmonary congestion (lung wet/dry weight, 4.4±0.1 vs. 3.8±0.1 g/g, HFpEF vs. sham), increased arrhythmia incidence (104±34 vs. 11±2 events/h, HFpEF vs. sham), greater ventricular stiffness (β, 7.4±1.4 vs. 4.3±0.7 mmHg/ml, HFpEF vs. sham), and decreased ventricular active relaxation (τ, 9±2 vs. 15±2 ms, HFpEF vs. sham). In HFpEF rats, CC sensitivity was increased (165.3±9.1 vs. 127.3±10.3 ml/min/100g, HFpEF vs. sham), and CC stimulation (normocapnia vs. hypercapnia) significantly increased ($P<.05$) arrhythmia incidence (104±34 vs. 1164±204 events/h,) and β (7.4±1.4 vs. 17.5±7.5 1/ml), but did not affect τ values (9±2 vs. 9±1 ms) or significantly compromise ventricular capacitance. RVLM activation (FosB expression) was increased in HFpEF rats compared to sham animals. Our results indicate that the CC is enhanced in in HFpEF, neuronal activation is increased in pre-sympathetic regions of the brainstem, and acute CC activation further exacerbates diastolic dysfunction and arrhythmia incidence in HFpEF.

Supported by Fondecyt 1140275.

MODIFICACIONES VENTILATORIAS Y CARDIOVASCULARES INDUCIDAS POR EL TRATAMIENTO CRÓNICO CON FENITOÍNA: PAPEL DE LOS QUIMIORREFLEJOS (Ventilatory and cardiovascular adjustments following chronic phenytoin treatment: role of chemoreflexes).

Alcayaga, J. Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

En los mamíferos, la ventilación y el nivel de la presión arterial son el resultado de la actividad de circuitos neuronales localizados en el tronco del encéfalo. Sin embargo, la actividad de estos es modificada por aferencias periféricas, entre las que se encuentran los quimiorreceptores del cuerpo carotideo (CC). El CC es inervado por neuronas sensoriales localizadas en el ganglio petroso que, en la rata, presentan una corriente de sodio persistente (I_{NaP}). El bloqueo agudo de I_{NaP} disminuye la descarga quimiosensorial aferente y la ventilación en normoxia, así como los aumentos inducidos por hipoxia. Siendo la fenitoína un antiepiléptico que bloquea I_{NaP} y cuyos efectos crónicos no están caracterizados, estudiamos las respuestas ventilatorias, cardiovasculares y,quimiosensoriales en ratas tratadas crónicamente. En ratas Sprague-Dawley macho, anestesiadas con isofluorano, se implantaron bombas osmóticas con vehículo (suero fisiológico, 60%; DMSO, 40%) o fenitoína (10 mg/día). Después de 7-28 días de tratamiento se midió la ventilación basal y la respuesta ventilatoria a 5 min de hipoxia (FiO_2 7-15%) en un pletismógrafo. En el mismo período, en ratas anestesiadas, se midió el flujo aéreo y la frecuencia ventilatoria (F_V), se derivó el volumen corriente (V_T) y se calculó la ventilación minuto ($V_E=V_T$?F_V). Se canularon vena y arteria femoral para mantener anestesia y medir presión arterial (P_a), respectivamente. La frecuencia cardíaca (F_C) se midió a partir de P_a. El nervio carotideo se registró con electrodos conectados a un amplificador y este a un contador para medir la descarga. Se midieron las variables en respuesta a cambios de FiO_2, en el rango 0-100%, de 30s de duración. Fenitoína no modificó la descarga aferente, la V_E ni la P_a en normoxia, aunque el V_T aumentó y F_C disminuyó significativamente. Además, las respuestas quimiosensoriales y ventilatorias a la hipoxia aguda se redujeron significativamente, por una reducción del aumento del V_T y la F_V, en animales anestesiados y despiertos, respectivamente. Las respuestas cardiovasculares a la hipoxia no fueron modificadas por el tratamiento. Nuestros resultados muestran que fenitoína crónica no modifica la V_E en normoxia, aunque modifica el patrón ventilatorio y la F_C. Además, el tratamiento crónico reduce las respuestas ventilatorias a la hipoxia y que este efecto radica, a lo menos parte, en la reducción de la actividad quimiosensorial.

FONDECYT 1130177

SIMPOSIO

ECOLOGÍA Y ANTÁRTICA

Coordinador: Patricio Ojeda

Uno de los objetivos principales del Instituto Antártico Chileno (INACH) es el desarrollar el conocimiento científico de la biodiversidad, desde los genes hasta los ecosistemas que, junto con un mayor conocimiento de la biología de las especies, pueden ser utilizados para la conservación y gestión de los ecosistemas antárticos. En este simposio sobre Ecología y Antártica exponen tres investigadores asociados al INACH que nos presentan sus recientes investigaciones sobre ecología larval de peces (Dr. Mauricio Landaeta), el impacto del calentamiento global en especies de plantas vasculares (Dr. León Bravo) y aspectos biogeográficos de la fauna marina bentónica del Océano Austral (Dr. Elie Poulin).

CIENCIA, LOGÍSTICA Y CULTURA: LOS DESAFÍOS PARA LA CIENCIA CHILENA EN ANTÁRTICA

V**ega A. E.,** Sub Director Nacional Instituto Antártico Chileno.

Durante la última década, el número de científicos nacionales que desarrollan ciencia antártica, ha crecido sostenidamente. Lo anterior se podría resumir diciendo: “más proyectos, más científicos y más lejos”, lo que consecuentemente ha implicado una mayor inversión del estado en ciencia antártica. El desarrollo de plataformas científico-logísticas en el territorio, con laboratorios, equipamientos y capacidades para hacer ciencia in-situ, ha permitido hacer más atractiva la expedición científica antártica, que ésta próxima temporada tendrá su versión 53. Por otro lado, de los 34 países que desarrollan ciencia en Antártica, 22 tienen basadas su operaciones en Punta Arenas, lo que transforma a nuestro país en la principal puerta de entrada al Continente Blanco. Esto ofrece posibilidades de cooperación internacional, no solo en aspectos logísticos, sino también científicos y culturales.

Esta presentación busca contextualizar y proyectar la actividad científica que Chile tiene en Antártica, mostrando las oportunidades que se abren con la creación de un Centro Antártico Internacional en Punta Arenas.

ECOLOGÍA LARVAL DEL PEZ NOTOTÉNIDO *HARPAGIFER ANTARCTICUS* EN AGUAS SOMERAS FRENTE A ISLAS SHETLAND DEL SUR: VARIABILIDAD A CORTO PLAZO DURANTE VERANO (Larval ecology of the notothenioid fish *Harpagifer antarcticus* in shallow waters off South Shetland islands: short-term variability during austral summer)

Landaeta M[1], [1]Escuela de Biología Marina, Facultad de Ciencias del Mar y de Recursos Naturales, Universidad de Valparaíso.

Adaptive plasticity in foraging and growth of early life stages of marine fishes is highly relevant, particularly in environments such as the Antarctic inshore waters. In this study we analysed the trophic habits, feeding success, selectivity, growth and hatch dates of larval spiny plunderfish *Harpagifer antarcticus* (Osteichthyes: Harpagiferidae) collected weekly in austral summer 2014 and 2015 at Bahía Chile, Greenwich Island, South Shetland Islands. Based on the stomach contents of 202 individualsranging between 5.97 and 10.66 mm, the spiny plunderfish was omnivorous, with chain-forming diatom *Thalassiosira minuscula*, euphausiid eggs and copepodites as the main prey items. The feeding success, measured as prey number per gut and total volume per gut, and the trophic niche breadth were independent of standard length. Only the maximum prey size (width) was positively correlated with larval size, suggesting preference of larger prey as larvae grow. At interannual scale, significant differences were only detected in the ingested prey per gut, with higher values during summer 2014. In this season, trophic niche breadth increased with larval size. At weekly scale, and after storm winds from south-east and high turbulence in surface waters, *H. antarcticus* larvae switched their selective feeding based on large prey (i.e, copepodites) to a more opportunistic feeding strategy, relying on large abundance of small (i.e., *T. minuscula*) to medium-size prey (euphausiid eggs). For summer 2015, adjusted model estimated a hatch size of 5.40 mm and a larval growth rate of 0.180 mm day^{-1}. Individual growth rates (IGR) varied between 0.099 and 0.177 mm day^{-1} (mean ± SD, 0.148 ± 0.017 mm day^{-1}). Relationships between IGR and feeding success indices suggest that slow-growing larvae seem to have less chance to ingest a great number (or volume) of prey. Finally, back-calculated hatch day frequencies were positively correlated to wind intensity, increasing the hatching in periods during a dominance of the north-east winds. Based on this evidence, we suggest that hatching of Antarctic plunderfish may be trigger by wind-induced turbulence, and larval spiny plunderfish exhibits feeding behavior plasticity, ensuring higher feeding rates after major changes triggered by meteorological conditions in nearshore subtidal environments of South Shetland Islands.

IMPACTO DEL CALENTAMIENTO ACELERADO DE LA PENÍNSULA ANTÁRTICA EN LAS DOS UNICAS ESPECIES DE PLANTAS VASCULARES QUE HABITAN ESTA REGIÓN: LECCIONES DE UN EXPERIMENTO DE CALENTAMIENTO *IN SITU* DE MEDIANO PLAZO.
(Impact of accelerated warming of the Antarctic Penisnsula on the two unique vascular plant species that inhabit this region: Lessons from a medium term *in situ* warming experiment)

Bravo L A[1], Rabert C[1], Sierra-Almeida A[2], Cavieres L A[2], Sáez P[3], [1]Departamento de Ciencias Agronómicas y Recursos Naturales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Universidad de La Frontera.[2]Dpto. Botánica/Ecobiosis, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[3]Laboratorio Cultivo de Tejidos Vegetales, Centro de Biotecnología, Departamento de Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción.

Concomitante con el rápido calentamiento de La Península Antártica se ha producido una expansión de las poblaciones de plantas vasculares (*Deschampsia antarctica* Desv. y *Colobanthus quitensis* Kunth (Bartl.)) en la Antártida marítima. Varias hipótesis se han planteado para explicar las bases biológicas de esta expansión de las plantas. Por ejemplo, se ha planteado que la temperatura ejerce un efecto directo sobre la ganancia de carbono, lo cual, incidiría en el aumento del crecimiento y la reproducción de estas especies. Por otra parte, se plantea que el efecto del calentamiento sería indirecto, donde el calentamiento favorecería el reciclaje de los nutrientes del suelo y su disponibilidad para el crecimiento vegetal. Estas hipótesis han sido contrastadas por una combinación de experimentos de campo y de laboratorio donde se ha estudiado las respuestas de las plantas a la temperatura en el laboratorio y en experimentos de calentamiento *in situ* utilizando cámaras de calentamiento pasivo de techo abierto (OTC) en la Isla Rey Jorge, cerca de la Base Antártica polaca Arctowski. Se monitoreó la actividad fotosintética de la planta, el crecimiento, la disponibilidad de nutrientes del suelo y se ha caracterizado microambientamente la OTC y el espacio abierto (EA), durante dos temporadas consecutivas en campo. La OTC tuvo un efecto significativo sobre el crecimiento de las plantas, dependiente del tiempo de exposición y de la especie. La actividad respiratoria del suelo aumentó en la OTC de forma concomitante con la disponibilidad de la materia orgánica y nitrógeno. Consistentemente, los estudios de laboratorio indican que el crecimiento de ambas especies vasculares responde a la fertilización nitrogenada. El aumento de la actividad fotosintética a nivel de la hoja observada dentro de la OTC es limitado para explicar el efecto observado en el crecimiento de las plantas. La actividad fotosintética del dosel a nivel de planta, integrada durante toda la estación de crecimiento podría llenar este vacío. Nuestros resultados sugieren que la expansión de las especies vasculares se asocia a efectos directos e indirectos de calentamiento. Mayores estudios se requieren para conocer su importancia relativa.

Conicyt-PIA ART1102, FONDECYT 1151173

BIOGEOGRAFÍA EN EL OCÉANO AUSTRAL: ¿ES EL FRENTE POLAR UNA BARRERA EFECTIVA ENTRE LAS PROVINCIAS ANTÁRTICAS Y SUBANTÁRTICAS? (Biogeography in the Southern Ocean: is the polar front an effective barrier between Antarctic and Subantarctic Provinces?)

Poulin E[1], González-Wevar C A[2], Díaz A[3], Hüne M[1], Gérard K[4], Naretto J[1], [1]Departamento de Ciencias Ecologicas, Instituto de Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[2]Departamento de Recursos Naturales, GAIA Antártica, Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Magallanes.[3]Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[4]Departamento de Recursos Naturales, GAIA Antártica, Universidad de Magallanes.

El Océano Austral, delimitado al norte por la convergencia subtropical, ha sido históricamente dividido en dos provincias biogeográficas, la Provincia Subantártica y la Provincia Antártica, delimitadas por el Frente Polar donde confluyen las aguas superficiales antárticas con las superficiales subantárticas provenientes del norte. Para la fauna marina bentónica, el establecimiento de las características oceanográficas actuales habría iniciado la separación de ambas provincias. En particular, la Corriente Circumpolar Antártica (CCA) habría impedido todo contacto entre estas regiones. En base a evidencia molecular, presentamos resultados contrastantes que, si bien apoyan en general la ausencia de contactos entre faunas antárticas y subantárticas desde varios millones de años, también muestran casos donde eventos de dispersión logran quebrar este aislamiento. La biogeografía de la fauna marina bentónica del Océano Austral aparece como el resultado de eventos de vicarianza y dispersión. Si bien nuestros resultados cuestionan el aislamiento entre fauna antártica y subantártica, se discute la eventualidad de oscilaciones latitudinales del frente polar durante los episodios glaciales. También se considera el descubrimiento reciente de especies subantárticas en las islas de las Shetland del Sur.

Proyectos Fondecyt 1151336, 11140087 & 1161358. P05-002 ICM, PFB 023, IPEV 1044 Proteker

SIMPOSIO

PLANTAS ACUMULADORAS Y SUS RESPUESTAS METABÓLICAS

Coordinador: Aly Valderrama

RESPUESTA A ESTRÉS POR COBRE EN LA ESPECIE METALOTOLERANTE *POLYPOGON AUSTRALIS*: USO POTENCIAL EN REMEDIACIÓN DE SUELOS

Ortiz-Calderon C[1], Barros Vásquez D[1], Muñoz Rodriguez A[1], [1]Biología, Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

El cobre (Cu) es un micronutriente para una amplia variedad de procesos fisiológicos en los organismos vivos. Sin embargo, en exceso el Cu limita el crecimiento vegetal debido a que participa en reacciones redox que generan especies reactivas de oxígeno (ROS) las cuales causan daños en lípidos, proteínas y ácidos nucleicos. En este trabajo se presentan resultados de la respuesta a exceso de cobre en la especie metalotolerante *Polypogon australis* que ha colonizado espontáneamente un depósito de relaves en la tercera Región de Atacama. Además de acumular Cu en los tejidos, las plantas tratadas mostraron una alta eficiencia del sistema enzimático reductor de H_2O_2, un aumento en la actividad de bombas de eliminación de Cu desde el citoplasma al apoplasto y un aumento en la transcripción de genes para metalotioneínas en plantas tratadas con Cu. Estos resultados muestran que la capacidad de tolerar y acumular el elemento metálico en los tejidos de la especie, es responsabilidad de un conjunto de respuestas bioquímicas y moleculares. La tolerancia exhibida por la especie, la posicionan dentro del grupo de plantas de interés para fitorremediar suelos contaminados con cobre.

Proyecto FONDEF ID14I10151

CONTENIDO Y ACTIVIDAD DE ENZIMAS REDUCTORAS DE PERÓXIDO DE HIDRÓGENO EN PLANTAS DE *POLYPOGON AUSTRALIS* TRATADAS CON COBRE (Content and activity of hydrogen peroxide-reducing enzymes in *Polypogon australis* plants treated with copper)

Muñoz-Rojas A[1], Jara-Hermosilla D[1], Ortiz-Calderón C[1], [1]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Polypogon australis es una especie nativa de la familia de las poáceas, que crece en sitios con altos niveles de cobre, acumulándolo en sus tejidos. Se ha visto que tolera hasta 626 µM Cu^{+2} *in vitro.* En el presente trabajo se estudió el efecto del tratamiento de plantas de *P. australis* con Residuos Líquidos (RILes) derivados de la minería de cobre a pH 6,7 y a pH 5,1. Bajo ambos tratamientos se observó una elevada acumulación de cobre, llegando hasta 5.160 y 7.650 mg Cu^{+2}/Kg p.s. en hojas y raíces, respectivamente. Adicionalmente, el contenido de H_2O_2 en tejidos incrementó durante las dos primeras horas del tratamiento y luego disminuyó hasta mantenerse cercano a los valores control. Lo anterior fue correlacionado con la actividad de enzimas peroxidasas. En conclusión, se logró demostrar que el tratamiento de plantas de *P. australis* con RILes, provoca un incremento en el contenido de peróxido en los tejidos, conllevando a la activación del control enzimático de los niveles de peróxido.Es posible que la tolerancia a cobre exhibida por *P. australis* está mediada por la capacidad de la planta para mantener la homeostasis de H_2O_2.

Proyecto FONDEF ID14I10151.

ANÁLISIS DE LA TOLERANCIA DE *POLYPOGON AUSTRALIS*, POÁCEA NATIVA CHILENA, A DIÉSEL EN SUELOS. (Analysis of *Polypogon australis*, a poaceae native to Chile, to diesel in soils.)

Noni-Morales D[1], Barros D[1], Cid H[1], Ortiz-Calderón C[1], [1]Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

El consumo nacional de combustible diésel alcanza valores cercanos a 7.000 toneladas por año, generando componentes y subproductos de su consumo que llegan al ambiente y que deben ser remediados. Una alternativa es utilizar plantas capaces de mejorar la contaminación de suelos por diésel. Para ello, se propuso estudiar la tolerancia de la especie acumuladora de cobre, *Polypogon australis* a concentraciones crecientes de diésel en suelo. *P. australis* es una poácea nativa Chilena tolerante a metales pesados cuya tolerancia está asociada al control del estrés oxidativo producido por metales. Los resultados mostraron que *P. autralis* germina y crece en concentraciones de diésel hasta 5% p/p. Se analizó la tolerancia de la especie mediante determinación de la EC_{50} de diésel para germinación y crecimientos temprano y tardío de las plántulas, obteniendo valores entre 1,9 % y 4,8 % con una EC_{50} promedio de 3,5 %. Este valor sitúa a la especie dentro de la categoría de plantas tolerantes en comparación con otros modelos vegetales. El estudio realizado permite proyectar el uso de *P. australis* en procesos de fitorremediación de suelos contaminados con diesel.

Agradecimientos: Proyecto FONDEF ID14I10151.

***ERODIUM CICUTARIUM*, ESPECIE ACUMULADORA DE PLOMO** (*Erodium cicutarium,* lead accumulator species)

Valderrama A[1], Letelier L[1], León C A[1], Leiva A[2], [1]Centro de Investigación en Recursos Naturales y Sustentabilidad, Vicerrectoría de Investigación y Postgrado, Universidad Bernardo O`higgins.[2]Instituto de Investigación y Control Ejército de Chile.

En el último tiempo ha aumentado la preocupación por el medioambiente y nuestro entorno, quedando en evidencia que la mayoría de las actividades antrópicas generan un deterioro en el largo plazo. La realidad nacional en cuanto a la regulación medioambiental es preocupante debido a que carecemos de una normativa legal que prohiba la contaminación de los suelos. La práctica de tiro es una actividad de formación para las entidades encargadas de la protección nacional y a su vez, para otra parte de la población es una actividad recreativa o deportiva. Los campos de tiro, son los sitios destinados para realizar la práctica de tiro y se encuentran regulados en cuanto a las condiciones de seguridad para los usuarios y vecinos. Sin embargo, no se tiene conciencia que producto de esta actividad se liberan en el ambiente cuerpos macisos de plomo los cuales quedan expuestos a los procesos de intemperización del suelo y posterior liberación en el ambiente. El campo de tiro en desuso de Lo Aguirre se caracterizó mediante el registro de restos de municiones, las concentraciones de plomo en suelo y en plantas colonizadoras. La especie vegetal con mayor cobertura y abundancia fue *Erodium cicutarium*, una maleza abundante de la zona central del país pero sin registros de acumulación de plomo u otros metales pesados en sus tejidos. Los resultados obtenidos permiten aumentar el registro de especies acumuladoras de metales pesados en nuestro país aportando nuevo conocimiento en el área de estudio.

Agradecimientos: División CIMI del Ejército de Chile.

SIMPOSIO

BIOINFORMATICA Y BIOGEOGRAFIA

Coordinador: Christian Ibañez

PRIMER ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DEL MICROBIOMA DEL OCÉANO EN PATAGONIA (A first insight into the metagenome and virome of a human impacted ecosystem in Patagonia)

Guajardo-Leiva S[1], Díez B[1], **Castro-Nallar E[2]**, [1]Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.[2]Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

Microbes are fundamental drivers of ecosystems and their activities shape the biogeochemistry of the planet. Disruption of microbial ecosystem activities may result in pathogenic shifts that affect not only the environment but also human populations, i.e., harmful algal blooms; reservoirs of antibiotic resistance (AR). In particular, the emergence of AR could be summarized as an evolutionary arms race where microbes exhibit an uncanny ability to flank every human attempt to attack infection. In this study, we present the preliminary analysis of three sampling sites located at the head of the Comau fjord in Northern Patagonia (42º S), in a region of intensive open-cage salmon aquaculture. We intorrogate the metagenomes and viromes of the samples in terms of taxonomic and functional composition, diversity, and co-occurrence. Moreover, we test whether other microbial communities from impacted ecosystems share features with our samples, which might be indicative of convergence towards a common phenotype. Likewise, we test whether microbial composition and AR genes, composition of mobile genetic elements, and presence of virulence genes are coupled. Finally, we highlight bioinformatic approaches applied to these data but also show that our methods are broadly applicable to other model ecosystems.

SGL was funded by “CONICYT Beca Nacional de Doctorado Folio 21130667”. ECN was funded by “CONICYT + PAI/ CONCURSO NACIONAL APOYO AL RETORNO DE INVESTIGADORES/AS DESDE EL EXTRANJERO, CONVOCATORIA 2014 + FOLIO 82140008”

LA FILOINFORMÁTICA COMO UNA VISIÓN COMPARATIVA DE LA BIOLOGÍA: SU UTILIDAD PARA EXPLICAR EL ORIGEN Y PATRONES DE LA BIODIVERSIDAD (The Phyloinformatics as a comparative view of Biology: Its usefulness to explain the origin and patterns of biodiversity)

Hernández C E[1], Inostroza-Michael O[1], Avaria-Llautereo J[1], Rodríguez-Serrano E[1], [1]Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

La Filoinformática es un sistema de información que utiliza las relaciones jerárquicas, representadas en árboles filogenéticos, para un amplio número de preguntas. Esta disciplina permite evaluar dinámicas y procesos temporales asociados al origen de la diversidad en el más amplio espectro de la palabra, desde el origen de las culturas humanas a la biodiversidad *per se*. Tres elementos de los árboles filogenéticos son relevantes para la Filoinformática: 1.- las relaciones topológicas entre los tips, que representa las cercanías o parentescos; 2.- los nodos, que representan ancestros comunes o formas ancestrales; y 3.- los largos de rama, que representan el cambio en una escala temporal absoluta o relativa. Estos elementos son los que se utilizan para modelar múltiples procesos, como la especiación, extinción y dispersión, que en esencia determinan el origen de la biodiversidad. En este simposio ejemplificamos como modelar los procesos históricos que intervienen en la generación de zonas Hotspots de biodiversidad, y el uso de modelos Filoinformáticos para evaluar al menos 5 hipótesis históricas que incorporan diferencialmente procesos de especiación, extinción y dispersión. El reto de la investigación Filoinformática radica en el manejo de datos y el desarrollo de modelos idóneos para las múltiples preguntas que debemos responder en ciencia. Por ahora, la Filoinformática ha generado un cambio significativo desde enfoques descriptivos a los probabilísticos, particularmente, la revolución Bayesiana e inferencias estadística basadas en probabilidades han fomentado gran parte de este cambio, a través de la cuantificación de la incertidumbre de las hipótesis evolutivas.

FONDECYT - 1140692; Vicerrectoria de Investigacion y Desarrollo UdeC.

NUEVAS APROXIMACIONES PARA EL ESTUDIO DE LOS PATRONES Y PROCESOS EN BIOGEOGRAFÍA.

Rivera R[1], Hernández C E[1], [1]Departamento de Zoología, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

El desarrollo actual de la biogeografía ha permitido generar y responder preguntas que anteriormente no podían ser abordadas por la falta de información respecto a la distribución de las especies, y la inexistencia de métodos analíticos idóneos. En este simposio, se tratarán aspectos sobre cómo algunos de los objetivos fundamentales de la biogeografía, es decir, la documentación del patrón geográfico de la distribución y abundancia de las especies fue abordada por los principales naturalistas y cuál es el estado del arte en la biogeografía contemporánea. Se discutirán las nuevas fuentes de información (e.g. registros georeferenciados, clima, topografía), enfatizando como pueden ser utilizadas para la formulación y evaluación de hipótesis.

Adicionalmente, en conjunto con las fuentes de información, se discutirá acerca de las nuevas herramientas informáticas que permiten la generación y manipulación de grandes bases de datos sobre la distribución de especies y su ambiente. En particular, los sistemas de información geográfica que permiten realizar dichas tareas, así como también disponer de numerosas técnicas de análisis (e.g. tendencias, proximidad, agrupaciones espaciales), que permiten un mayor y mejor uso de la información biogeográfica. Respecto a esto último, se discutirán algunas de las características de los datos utilizados en biogeografía, por ejemplo, autocorrelación y/o dependencia espacial, las cuales no solo representan un problema de tipo estadístico, sino que permiten obtener una mejor comprensión de los procesos que generan los patrones observados en biogeografía.

Dado éste creciente desarrollo y mejora en las fuentes de información, así como la disponibilidad de herramientas informáticas, se ha favorecido el desarrollo de aproximaciones como los modelos predictivos de distribución de especies, posibilitando responder no sólo a preguntas biogeográficas, sino macroecológicas y macroevolutivas.

Finalmente, se darán a conocer aproximaciones provenientes de otras áreas del conocimiento que han sido aplicadas con éxito en biogeografía (e.g. geoestadística), mostrando nuevos avances y aproximaciones en técnicas analíticas para inferir procesos (principalmente en tiempo ecológico) que subyacen a los patrones observados. Por lo anterior, este simposio pretende dar una visión panorámica de las nuevas fuentes de información y herramientas actuales disponibles, y su alcance para el desarrollo de la biogeografía del siglo XXI.

FONDECYT-1140692 Modeling Evolutionary Processes that explain the Origin and Patterns of Vertebrates Biodiversity in South America: The importance of extrinsic and intrinsic drivers of species diversity. Reinaldo Rivera agradece a Beca CONICYT de doctorado nacional 2016.

BIOGEOGRAFÍA EVOLUTIVA DE MOLUSCOS MARINOS . (Evolutionary biogeography of marine mollusks)

Ibáñez C[1], [1]Departamento de Ecologia y Biodiversidad, Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andres Bello.

Entender la diversidad y distribución geográfica de los organismos marinos es complejo debido a que existen distintos procesos ecológicos y evolutivos (e.g., nicho, especiación) que actúan a diferentes escalas espaciales y temporales. En el RL612SB caso de los centros de origen se requiere contrastar hipótesis dispersalistas con aquellas de tipo vicariante, ya que ambos procesos podrían explicar el patrón por si solos. Actualmente, con la mayor disponibilidad de estudios filogenéticos y nuevos enfoques biogeográficos es más factible inferir áreas ancestrales y los mecanismos históricos que explican la distribución de los organismos marinos. En este estudio se comparan los patrones de distribución, centros de origen, y los posibles escenarios dispersalistas y vicariantes de moluscos marinos euritermos y estenohalinos, cefalópodos y poliplacóforos, mediante inferencia filogenética y biogeográfica. El Indo-Pacífico, Antárctica, Mar Caribe y Pacífico Norte han sido señalado como motores evolutivos generadores de diversidad de organismos marinos. En el caso de calamares de la familia Loliginidae y pulpos de la familia Megaleledonidae es correcto, pero en pulpos de la familia Enteroctopodidae las especies más antiguas serían de la zona menos diversa, el Atlántico Norte. Por otro lado, los poliplacóforos presentarían diversificaciones locales de algunos géneros (e.g., *Mopalia*, *Tonicia*) lo que explicaría su alta diversidad en ciertas provincias biogeográficas. En este contexto, nuestros resultados sugieren que los eventos de dispersión serían más frecuentes que los eventos de vicarianza para explicar los patrones actuales de distribución de los moluscos marinos, sin embargo, se deben considerar las características biológicas (e.g., dispersión larval, migraciones) de cada grupo en conjunto con los procesos históricos para evaluar la importancia de cada uno y construir un escenario biogeográfico coherente.

FONDECYT 1130266

DESDE EL GONDWANA: EVOLUCIÓN DEL NICHO CLIMÁTICO EN TAXA CON DISTRIBUCIÓN TROPICAL-TEMPLADO

Hinojosa L[1], Pérez M F[2], Gaxiola A[2], Dibán M J[1], [1]Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[2]Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Aproximadamente un tercio de los géneros de bosque del sur de Sudamérica exhiben distribuciones disyuntas con áreas tropicales dentro (Neotrópico) y fuera del Continente (Australasia). Este patrón disyunto puede ser explicado por la hipótesis de Conservación de Nicho Tropical (HCNT), la cual asume que los linajes se habrían originado en bajas latitudes bajo condiciones de clima tropical y que su presencia en latitudes altas se debería a la expansión, siguiendo su nicho original, de su distribución cuando las condiciones globales fueron más cálidas que las actuales (i.e. durante el óptimo climático del Eoceno, 52 Ma.). Cuando el clima varió hacia condiciones más frías estos linajes retrotrajeron su distribución hacia latitudes bajas, algunos representantes se adaptaron a las nuevas condiciones frías, generando así las disyunciones observadas. Algunas predicciones asociadas a esta hipótesis involucran que los clados basales, de estos taxa con distribución disyunta, debiesen ocurrir en latitudes tropicales mientras que los clados templados debiesen estar anidados a los primeros. En forma alternativa, Hinojosa y colaboradores (2016) suguieren que linajes originados en latitudes medias y altas, como los taxa Gondwánicos, habrían expandido su distribución en los trópicos, siguiendo un clima mesotermal, e influido por cambios climáticos y tectónicos. Consecuentemente, miembros de linajes Gondwánicos con distribución en regiones tropicales debiesen ser más jóvenes y anidados a clados templados. En este trabajo evaluamos ambas hipótesis considerando en forma conjunta filogenias moleculares, registro fósil, estimación de paleoclima y la evaluación de diferentes modelos de evolución para determinar conservación de nicho climático. Los géneros considerados para el estudio fueron *Nothofagus*; *Podocarpus*; *Gunnera* y *Escallonia*

Agradecimientos: Fondecyt 1150690; IEB P05-02; PFB 23

SIMPOSIO

ESTUDIO DE MICROORGANISMOS Y COMUNIDADES MICROBIANAS DE ECOSISTEMAS EXTREMOS

Coordinador: Michael Seeger

ROL DE LA BIOSFERA RARA DURANTE LA BIORREMEDIACIÓN DE PETRÓLEO (Role of the rare biosphere in the petroleum bioremediation)

Seeger M[1], Fuentes S[1], Barra B[2], Caporaso G[3], [1]Quimica, Centro de Biotecnologia, Universidad Técnica Federico Santa María.[2]Quimica Universidad Técnica Federico Santa María.[3]None Northern Arizona University, Flagstaff, Arizona, USA.

Diversos ecosistemas contienen una proporción de taxones subrepresentados o raros, denominados la biosfera rara, que son importantes para el mantenimiento de la diversidad, y contribuyen a pulsos de actividad. Los hidrocarburos de petróleo perturban diversos ecosistemas. En ambientes marinos, bacterias hidrocarbonoclásticas obligadas pueden florecer después de un derrame de petróleo, participando en su degradación. En este estudio, se caracterizó la dinámica de comunidades microbianas terrestres en respuesta a la contaminación por hidrocarburos y la biorremediación. Microcosmos de suelo fueron contaminados con diésel e inoculados con un consorcio o un enriquecimiento bacteriano. La dinámica de la comunidad microbiana se monitoreó mediante la secuenciación Illumina de genes 16S rRNA y análisis por la plataforma QIIME. La bioaumentación mejoró la degradación de hidrocarburos. En los suelos contaminados se observó una floración rápida y pronunciada de una gammaproteobacteria nativa. Una unidad taxonómica operativa (OTU) relacionado con el género *Alkanindiges* incrementó de <0,1% a >60% de las secuencias de la comunidad. Esta floración bacteriana terrestre en respuesta a la contaminación apoya el concepto de que la rareza es un estado temporal condicionado por las limitaciones ambientales. La biosfera rara actúa como un reservorio de funciones ecológicas en entornos complejos y de alta diversidad como los suelos.

Financiamiento: Becas doctorales Conicyt&Fulbright (SF,BB), proyectos FONDECYT (1151174&1110992) y USM (131562&131342).

DIVERSIDAD DE ACTINOBACTERIAS MARINAS DEL PACÍFICO SUR Y BIOPROSPECCIÓN DE COMPUESTOS ANTIMICROBIANOS

Undabarrena A[4], Claverías F[4], González V[4], Cumsille A[4], Ugalde J[1], Beltrametti F[2], Moore E R[3], Seeger M[4], **Cámara B[4]**, [1]Centro de Genética y Genómica, de Medicina, Universidad del Desarrollo.[2]Italia Actygea Srl, Gerenzano.[3]CCUG de Gotemburgo, Suecia.[4]Química/Centro de Biotecnología Universidad Técnica Federico Santa María.

Las actinobacterias destacan por su producción versátil de metabolitos secundarios, que presentan diversas actividades biológicas, como antibacterianos, antitumorales y/o antifúngicos. La bioprospección de nuevos aislados de actinobacterias provenientes de ambientes marinos poco explorados, puede llevar al descubrimiento de novedosos compuestos bioactivos con propiedades biotecnológicas. Bajo este contexto, se propuso investigar la biodiversidad cultivable en sedimentos y esponjas marinas desde ecosistemas de diversas latitudes de la costa chilena (caleta de Chañaral de Aceituno, III Región; Isla de Pascua y bahía de Valparaíso, V Región y fiordo Comau, X Región). Los cepas aisladas se identificaron mediante el análisis comparativo del gen 16S rRNA, obteniéndose actinobacterias correspondientes a 30 géneros diferentes que comprenden 19 familias. Adicionalmente, un posible nuevo género fue encontrado, perteneciente a la familia de la *Nocardiopsaceae*. La actividad antimicrobiana de actinobacterias representativas fueron evaluadas con 5 bacterias modelos (*Staphylococcus aureus*, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella enterica*, *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*), demostrando la capacidad de varios aislados para inhibir el crecimiento tanto de bacterias Gram-positivas como Gram-negativas. Debido a la potente actividad de una *Streptomyces* sp. cepa H-KF8, se secuenció su genoma mediante la plataforma PacBio, obteniendo un total de 11 scaffolds con un tamaño de 7.5 Mbp y un contenido de GC de 71.4 %. Un análisis con el programa antiSMASH reveló variadas rutas biosintéticas que contienen policétido sintasas y/o sintetasas de péptidos no ribosomales, las cuales podrían estar relacionadas con la actividad encontrada. Este estudio demuestra una diversidad notable de actinobacterias cultivables asociados a ambientes marinos a lo largo de Chile. Además, es un recurso importante para la bioprospección de actinobacterias marinas y sus metabolitos, evidenciando su potencial como productores de compuestos bioactivos.

Financiamiento: Fondecyt 11121571, Swedish Research Council N° 2013-6713.

EFECTO DE LA TEMPERATURA EN LA DIVERSIDAD Y FUNCIÓN DE COMUNIDADES MICROBIANAS DE TAPETES FOTOAUTÓTROFOS EN SISTEMAS TERMALES (Temperature effect on the diversity and function of photoautotrophic microbial mat communities in thermal systems)

Díez B[1], Alcaman M E[1], Alcorta J[1], Guajardo S[1], [1]Genética Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Los tapetes microbianos termales representan modelos de estudio ideales para entender los principios de la ecología microbiana. La comunidad procariótica y viral del tapete microbiano en el gradiente de temperatura (66, 58 y 48°C) del sistema termal de Porcelana (Patagonia Norte), fue investigado mediante aproximaciones integrativas: metagenémica, metatranscriptómica, carbono (H13CO3) y nitrógeno (15N2, 15NH4Cl y K15NO3) isotópicamente marcado, actividad nitrogenada y aislados en cultivo. Su composición taxonómica mostró dominancia de Chloroflexi y Cianobacterias a lo largo del gradiente de temperatura, con recambio espacial de estos productores primarios, sugiriendo una diferenciación de nicho por temperatura. Estos grupos co-ocurren a temperaturas ~58°C, contribuyendo activamente en fotosíntesis, fijación de CO2 y N2. Chloroflexi (Roseiflexus sp. y Chloroflexus sp.) son >90% responsables de metabolismos energéticos y de nutrientes a 66°C, mientras que Cianobacterias (Mastigocladus sp.) contribuyeron más a 58°C y 48°C. Tres vías de fijación de carbono están representados en el gradiente de temperatura: Calvin-Benson (Cianobacterias), biciclo 3- Hidroxipropionato (Chloroflexi) y ciclo Hidroxipropionato- hidroxibutirato (Arqueas). Cianobacterias son primordiales en la incorporación de nitrógeno nuevo en Porcelana mediante fijación de N2. La actividad nitrogenasa, captación celular de 15N2, y expresión del gen nifH, demostraron que la fijación de N2 es dependiente de luz, detectándose entre 46 y 58°C pero no a 66°C. Este patrón de actividad sugiere la particular contribución de Cianobacterias con heterocistos como Mastigocladus. Su contribución fue de aproximadamente 3 g de N m-2 año-1 y 27 g C m-2 año-1, sugiriendo que estos organismos cubren completamente las demandas de estos compuestos en Porcelana. 80 cepas de Stigonematales fueron aisladas y caracterizadas morfológica y geneticamente, resultando idénticas (99%) en sus genes 16S rRNA, pero separadas en tres grupos proteómicos diferentes según análisis de MALDI-TOF. Estos podrán representar 3 nichos ecológicos diferentes a nivel de proteínas en el gradiente termal. Estas cianobacterias termofilas podrá estar reguladas por cianofagos del orden Caudovirales presentes en Porcelana. El genoma de un Podovirus fue recuperado de Porcelana, siendo el primero asociado a cianobacterias termales hasta la fecha.

Fondecyt 1110696; 1105171

PLASTICIDAD DEL MICROBIOMA DE HUMEDALES DE ALTURA Y SU POTENCIAL ROL EN EL INTERCAMBIO DE GASES DE EFECTO INVERNADERO (Microbiome of high altitude wetlands and their role on green house gases Exchange)

Molina V[1], Cornejo M[2], Dorador C[3], Fernández C[4], Hengst M[5,6], Eissler Y[7], Hernández K[8], Romero C[9], Galvez M J[1], Miranda N[10], [1]Departamento de Biologia, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha de Ciencias de La Educación.[2]Escuela de Ciencias del Mar Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[3]Departamento de Biotecnologia, 3Laboratory of Microbial Complexity and Functional Ecology, Institute of Antofagasta, Universidad de Antofagasta.[4]Departamento de Oceanografía, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[5]Departamento de Ciencias Farmaceuticas, Facultad de Ciencias, Universidad Catolica del Norte.[6]CeBIB Centre for Biotechnology and Bioengineering.[7]Centro de Investigación y Gestión de Recursos Naturales , Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso.[8]Centro de Investigación Marina Quintay, Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.[9]Departamento de Geografia, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha de Ciencias de La Educación.[10]Departamento de Biotecnologia, Laboratory of Microbial Complexity and Functional Ecology, Institute of Antofagasta, Universidad de Antofagasta.

Los microorganismos de vida acuática libre, en general, deben soportar numerosas vicisitudes para sobrevivir, como el acceso a sustratos, pastoreo y lisis viral. Sin embargo, los microbiomas de humedales de altura deben adaptarse a otros factores “extremos a los ojos del investigador”, como por ejemplo: una alta radiación (>1,100 W m^{-2}), gran variación diaria de temperatura del agua (congelación- >24ºC) y mezcla por estrés del viento (calma - >17 m s^{-1}). Por otra parte, la fuente de agua de estos sitios es principalmente subterránea, enriquecida en sales, metales y pobre en gases disueltos (deficitaria en oxígeno), lo cual sumado a las condiciones ambientales desérticas genera pozas y lagunas de evaporación desde las vertientes de agua dulce, generando gradientes salinos (~570 – >50,000 µS cm^{-1}). Es por ello que en estos humedales existen ambientes acuáticos heterogéneos (vertientes de agua dulce, pozas y lagunas de evaporación) donde se desarrolla un microbioma diverso reconociéndose una gran novedad de especies de Bacterias, incluyendo Cianobacterias, distintos grupos fototróficos anoxigénicos, entre otros. Además se destaca la presencia de Arqueas, incluyendo Euriarqueas metanogénicas y Taumarqueas nitrificantes. Por otra parte, recientemente se ha identificado la presencia de comunidades bacterianas y arqueanas conocidas por ser parte de la “biosfera rara”; grupos poco frecuentes que representan <0.1-0.01% de la comunidad microbiana. Por otra parte, el microbioma de los humedales de altura, al igual que sus contrapartes de zonas costeras participa de un intenso reciclaje de gases de efecto invernadero (GEI), como (CO_2), metano (CH_4) y óxido nitroso (N_2O). Este reciclaje ocurriría diferencialmente en distintos compartimentos de este sistema acuático, agua versus sedimentos y tapetes microbianos, destacándose la acumulación de GEI y en particular de CO_2 y CH_4, estos últimos, atrapados en burbujas. La presencia de tapetes microbianos está ligada a la dinámica hídrica de los humedales de altura, generando condiciones propicias para la emisión de GEI hacia la atmósfera. Estos resultados ponen en evidencia el rol global que tienen los microorganismos en ambientes extremos de altura.

Financiamiento: Fondecyt 1140356; 1140179, 11130418

INCORPORACIONES

NO HAY UN SOLO SISTEMA REPRODUCTIVO EN LAS PLANTAS DE ALTAS ELEVACIONES. EL CASO DE LAS RESTRICCIONES DE LA FORMA DE VIDA EN EL GÉNERO ANDINO *CHAETANTHERA*

Cabezas J L[1,2], Pérez M F[3,2], Arroyo M T[1,2], [1]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[2]. Instituto de Ecología y Biodiversidad.[3]Departamento de Ecología Pontificia Universidad Católica de Chile.

Pese a que las condiciones para la polinización a altas elevaciones predicen la predominancia de la autogamia, comparaciones del sistema de reproducción entre especies a diferentes niveles de altitud y comparaciones de poblaciones de una misma especie a lo largo de gradientes altitudinales han revelado que muchas de ellas están fuertemente adaptadas para la exogamia. Este amplio rango de sistemas de reproducción encontrado a gran altura podría verse afectada por restricciones filogenéticas o por la forma de vida. En este trabajo se estudió la evolución de los sistemas de reproducción y su relación con la forma de vida y con las condiciones para la polinización en 22 especies del género andino Sudamericano *Chaetanthera* (Asteraceae), distribuido desde el nivel del mar hasta sobre los 4000 msnm. Se encontró una amplia gama de sistemas de reproducción, que van desde fuertemente autoincompatibles hasta especies en donde ocurre autopolinización autónoma. El análisis de parsimonia mostró a la autogamia y autocompatibilidad como el sistema reproductivo ancestral; sin embargo los resultados fueron equívocos con Máxima Verosimilitud. Los sistemas de reproducción presentan una baja señal filogenética; y se correlacionan significativamente con la forma de vida. El análisis mediante PICs no reveló ninguna relación significativa entre el sistema de reproducción y las condiciones para la polinización expresada como la temperatura media durante la floración. Tanto en altas como en bajas altitudes en *Chaetanthera*, el fuerte efecto de la forma de vida en el sistema de reproducción conduce a una mezcla de especies perennes fuertemente exógamas con especies anuales altamente autógamas.

FONDECYT 1140541, ICM-MINECON P05-002- IEB, PFB-23, Beca de magíster CONICYT

POSICIÓN FILOGENÉTICA DEL GÉNERO *TOMOPEAS* Y SU IMPLICANCIA EN LOS PATRONES BIOGEOGRÁFICOS DE LOS MOLOSSIDAE (CHIROPTERA)

Cadenillas R[1], D´Elía G[2], [1] Universidad Austral de Chile.[2]Instituto de Cs. Ambientales y Evolutivas, Universidad Austral de Chile, Valdivia Universidad Austral de Chile.

Los murciélagos constituyen un grupo de gran diversidad taxonómica y funcional, en el que aún persisten varios problemas filogenéticos no resueltos. Uno de estos casos es el del género *Tomopeas*, el cual presenta caracteres morfológicos que lo vinculan a Vespertilionidae y otros a Molossidae. El único estudio en que se incluyen caracteres moleculares de *Tomopeas* se basa en secuencias parciales (528 pb) del gen mitocondrial CYT-B; en el mismo, *Tomopeas* es recuperado como hermano de Molossidae. En este trabajo se secuenciaron los genes CYT-B, ND1, DMP1, RAG2 para la única especie del género, *Tomopeas ravus*, y se incluyeron secuencias de GenBank de 35 especies de Molossidae y 60 de Vespertilionidae, en conjunto con secuencias de 9 especies de otras familias de Chiroptera usadas para conformar el grupo externo. La inferencia filogenética se realizó con análisis de máxima verosimilitud e inferencia bayesiana de una matriz concatenada, así como análisis con un enfoque coalescente. Los resultados de máxima verosimilitud e inferencia bayesiana dieron resultados semejantes, *Tomopeas* cae dentro de Molossidae o es el grupo hermano de Molossidae *s.s.*; el análisis coalescente mostró que *Tomopeas* es el grupo hermano de Molossidae *s.s.* La reconstrucción de áreas ancestrales sugiere que el área ancestral de Molossidae *s.l.* (i.e., incluyendo *Tomopeas*) fue una combinación de las regiones Afrotropical-Indomalaya. Además, por lo menos cuatro linajes de Molossidae han invadido independientemente el Neotrópico desde la región Afrotropical-Indomalaya.

FONDECYT 1141055, Becas Doctorado Nacional CONICYT

FILOGEOGRAFÍA DEL BAILARÍN CHICO COMÚN (MOTACILLIDAE: *ANTHUS CORRENDERA*), UN AVE AMPLIAMENTE DISTRIBUIDA EN LAS PRADERAS SUDAMERICANAS

Norambuena H V[1], Van Els P[2], Muñoz-Ramírez C[3], Victoriano P F[4], [1]Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Casilla 160-C, Concepción, Chile Universidad de Concepción. E-mail: buteonis@gmail.com.[2]Department of Biological Sciences and Museum of Natural Science, 119 Foster Hall, Baton Rouge, 70803 LA, USA Louisiana State University.[3]Department of Ecology and Evolutionary Biology, 1109 Geddes Avenue, Museum of Zoology, Ann Arbor, MI 48109-1079, USA University of Michigan.[4]Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Casilla 160-C, Concepción, Chile Universidad de Concepción. (Sponsored by Pedro F. Victoriano)

Estudiamos la historia poblacional y filogeografía del bailarín chico común (*Anthus correndera*), una ave especialista de praderas con amplia distribución en el sur de Sudamérica. Se analizó el gen mitocondrial ND2 para 71 individuos de 19 localidades, incluyendo las cinco subespecies descritas para la especie y a *A. antarcticus,* especie estrechamente relacionada. Los análisis filogenéticos revelaron dos clados: un clado A correspondiente a las subespecies altiplánicas *calcaratus* y *catamarcae* y un clado B, que incluyó aves tradicionalmente asignadas a *correndera*, *chilensis*, *grayi* y algunos individuos de la subespecie *catamarcae*. *A. antarcticus* también se agrupó con este segundo clado. Se estimó que los clados A y B divergieron hace *c.* 0.32 Ma a mediados del Pleistoceno; otras divergencias ocurrieron hace *c.* 0.24 Ma, pudiendo coincidir con la colonización de Patagonia e islas Malvinas y hace *c.* 0.13 Ma, cuando probablemente ocurrió la colonización de las Georgias del Sur. Las divergencias recientes y baja estructura filogeográfica sugieren una alta conectividad histórica entre subespecies/poblaciones.

Fondecyt1161650 y CONICYT-PCHA/DoctoradoNacional/2013-21130354.

VARIACIÓN MORFOLÓGICA DE *DROMICIOPS GLIROIDES* A TRAVÉS DE SU DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA EN EL CENTRO SUR DE CHILE

Valladares-Gómez A[1], Celis-Diez J L[2], Palma R E[1], Manríquez-Soto G[3], [1]Laboratorio de Biología Evolutiva, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.[2]Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Agronómicas y de los Alimentos, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[3]Centro de Análisis Cuantitativo en Antropología Dental (CA2), Facultad de Odontología, Universidad de Chile. (Sponsored by Dr. Eduardo Palma Vasquez)

Analizamos la variación morfológica del marsupial microbiotérido *Dromiciops gliroides* a lo largo de su distribución en el centro-sur de Chile incluyendo la Isla de Chiloé. Construimos modelos tridimensionales de 52 cráneos sobre los que digitalizamos 34 hitos homólogos. Usamos procedimientos estándares de morfometría geométrica para extraer y analizar los componentes de la forma y del tamaño de los cráneos. En general, nuestros datos muestran que *D. gliroides* es morfológicamente variable a través del rango geográfico estudiado. En particular, detectamos que tanto la variación del tamaño del cráneo como la insularidad podrían ser factores importantes subyacentes a la variación de la morfología craneana en *D. gliroides*. Por ejemplo, observamos un incremento del tamaño del cráneo en individuos de la distribución más austral de este marsupial. Además, observamos que el cráneo de los individuos continentales es en general más elongado que los de Chiloé. Finalmente, sugerimos que procesos históricos y ecológicos podrían estar moldeando el patrón morfológico observado en este marsupial.

FONDECYT 1130467, FIOUCh-Enlace 002/2015, ENL014/15, VID 2105. Colegio de Programas Doctorales, PUC y PMI UC1203 MECESUP

EVIDENCIAS DE ESTRUCTURACIÓN POBLACIONAL EN EL CONTINENTE AMERICANO EN EL ODONATO COSMOPOLITA *PANTALA FLAVESCENS*

Alvial I[1], Véliz D[1,2], Vargas H[3], Esquivel C[4], Vila I[1], [1]Santiago, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[2]Santiago, Chile, Instituto de Ecología y Biodiversidad IEB.[3]Departamento de Recursos Ambientales, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Tarapacá.[4]Escuela de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Tierra y el Mar, Universidad Nacional Costa Rica.

El Odonato *Pantala flavescens* es uno de los insectos más ampliamente distribuido en el mundo y con rutas de migración bien definidas. Estudios recientes en base a marcadores mitocondriales sugieren que esta especie posee una población panmíctica de índole mundial; sin embargo, resultados de la presente investigación indicarían lo contrario. Utilizando un gen mitocondrial (COI) y ocho microsatélites, se analizó la estructura y diversidad genética en individuos adultos de *P. flavescens*, colectados en Centroamérica (dos zonas de Costa Rica) y Sudamérica (Arica y Tacna). El Análisis de la Varianza Molecular (AMOVA) realizado con COI mostró diferencias significativas entre Centroamérica y Sudamérica (valor $p = 0,04$) no existiendo tal diferencia en sitios de la misma zona (valor $p > 0,05$). Sin embargo, no se observó estructura en el AMOVA realizado con microsatélites, lo cual podría indicar un bajo poder de discriminación poblacional obtenido con estos marcadores. Estos resultados nos sugieren que a pesar de la amplia distribución geográfica y de las extraordinarias capacidades de dispersión de *P. flavescens*, la existencia de barreras ambientales y/o aislamiento geográfico podrían estar determinando una estructuración poblacional espacial a gran escala.

Beca doctoral CONICYT Nº21130053, Núcleo Milenio NC 120030 y FONDECYT Nº1140543.

COMUNICACIONES LIBRES

COMUNICACIONES LIBRES I

BIODIVERSIDAD, ECOLOGIA Y CONSERVACIÓN EN PLANTAS

PROTECCIÓN ACTUAL Y ESCENARIOS FUTUROS PARA LA FLORA ARBÓREA NATIVA DE CHILE

Pliscoff P[1], **Oyarzún N[2]**, Araya E[2], [1]Ecologia, Ciencias Biologicas, Universidad Catolica de Chile.[2]Geografía, Historia, Geografía y Ciencia Politica, Universidad Catolica de Chile.

Uno de los elementos fundamentales para garantizar la protección de las especies es conocer su distribución geográfica y poder establecer las principales variables ambientales que definen a esta. La caracterización de la distribución permite conocer el espacio geográfico y ambiental de las especies, lo que permite además evaluar su estado de protección actual según los distintos instrumentos de protección disponibles existentes. La técnica de los modelos de distribución de especies, permite la caracterización actual del espacio geográfico y ambiental de las especies, así como también, su proyección, tanto en tiempo pasado como futuros, lo que permite evaluar escenarios de protección. Utilizando modelos de distribución basados en variables climáticas, se caracterizó el espacio geográfico de 104 especies arbóreas chilenas, proyectándose además bajo distintos escenarios de cambio climático. Este enfoque permitió evaluar la representación actual de la flora arbórea, basándose en los instrumentos de protección oficiales del país, y además evaluar distintos escenarios futuros de distribución de las especies. Finalmente, se incorporó al análisis un enfoque de priorización espacial, lo que permite a partir de los modelos de distribución de las especies de flora arbórea, definir áreas prioritarias para la conservación, incorporando además la conectividad espacial para su definición, evaluando finalmente la representación actual y futuras de la priorización espacial obtenida para la flora arbórea de Chile.

Fondecyt Iniciación n°11140357

EFECTIVIDAD DE ACTIVIDADES EDUCATIVAS PARA INCREMENTAR EL CONOCIMIENTO Y ACTITUDES POSITIVAS HACIA LA DIVERSIDAD VEGETAL EN CHILE CENTRAL

Carrasco-Oliva G[1,2], Guerrero P[2,3], Zorondo-Rodríguez F[4], [1]Departamento de Ciencias Ecológicas Universidad de Chile.[2]BIOMAS Lab, Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[3]IEB Instituto de Ecología & Biodiversidad.[4]Departamento de Gestión Agraria Universidad de Santiago de Chile.

La falta de conocimiento y consciencia social sobre la importancia de la biodiversidad influye negativamente sobre los esfuerzos de conservación. La educación ambiental incrementa conocimiento y promueve actitudes positivas, facilitando el desarrollo de conductas pro-ambientales. Dos actividades comúnmente utilizadas son las actividades de aula y terreno; sin embargo, su efectividad ha sido escasamente evaluada. En este trabajo se compara la efectividad de dichas actividades para incrementar el conocimiento y promover actitudes positivas en niños de las localidades de Los Molles y Pichidangui. Ambas actividades trataron sobre la diversidad de la flora nativa local utilizando como especie focal el cactus *Eriosyce chilensis*. Se midió la efectividad a través de cuestionarios estructurados, aplicados antes y en dos momentos después de las actividades. Ambas actividades fueron efectivas para incrementar conocimiento, pero ninguna generó cambios en las actitudes. Comparativamente, la actividad de terreno fue más efectiva que la actividad en el aula para incrementar conocimiento. Las actividades de educación debieran considerar salidas al hábitat de las especies para facilitar un mayor incremento de conocimientos de la diversidad vegetal.

FONDECYT 3130456 y 1160583; CONAF 009/2015.

METAGÉNOMICA ACTUAL Y FÓSIL PARA COMPRENDER LAS DINÁMICAS ESPACIO TEMPORALES DE LA BIODIVERSIDAD VEGETAL DEL DESIERTO DE ATACAMA

Díaz F P[1,4,3,2], Carrasco-Puga G[1,4,2], Latorre C[2,3], Gutiérrez R[1,4], [1]Genética Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.[2]Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.[3]Instituto de Ecología y Biodiversidad IEB.[4]CRG and Millennium Nucleus Center for Plant Systems and Synthetic Biology FONDAP .

La vegetación del Atacama es un modelo excelente para estudiar las dinámicas espacio-temporales de biodiversidad. Esta vegetación se distribuye en marcados gradientes ambientales, tiene la capacidad de sobrevivir en estados de latencia y exhibe respuestas diferenciales al cambio ambiental. En éste trabajo, utilizamos un gradiente altitudinal como experimento natural, las paleomadrigueras como registro paleoecológico y ADN *metabarcoding* (tecnología Illumina) como herramienta para la identificación de la biodiversidad actual, oculta y pasada. Construimos una base de datos de *barcodes* usando el intrón del gen cloroplastidial *trnL* para 62 especies de un gradiente ambiental sobre el salar de Atacama (2500-4500 m). Luego, describimos la biodiversidad vegetal potencial (oculta), a través de *metabarcoding* de suelos. Posteriormente, reconstruimos la biodiversidad de plantas en el tiempo utilizando ADN fósil extraído desde paleomadrigueras de hasta 50.000 años de antigüedad. Esta aproximación constituye una novedosa y poderosa herramienta para estudiar la biodiversidad de especies y genes a lo largo de miles años. Finalmente, comparamos las debilidades y fortalezas del *metabarcoding* para estudios de biodiversidad vegetal del altiplano. Integrando esta información molecular y ecológica, sugerimos un modelo conceptual de biodiversidad en el tiempo y cómo ésta responde a la variabilidad del clima.

FONDECYT N° 3150616, IEB y FONDAP CRG and Millennium Nucleus Center for Plant Systems and Synthetic Biology

IMPACTO DE ESPECIES INTRODUCIDAS SOBRE COMUNIDADES NATIVAS EN LOS ANDES DE CHILE CENTRAL

Cavieres L[1], Mihoc M[1], Valencia G[1], Pauchard A[1], [1]Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB) Universidad de Concepción.

La mayoría de nuestro conocimiento sobre especies invasoras se ha llevado a cabo en ambientes de baja altitud. Sin embargo, varias especies exóticas se han naturalizado en áreas montañosas, y su difusión puede suponer una grave amenaza para estos ecosistemas. Desafortunadamente se sabe muy poco acerca de los impactos de la presencia de estas especies invasoras en la biota nativa en este tipo particular de hábitats. En este estudio se evaluó si la presencia y abundancia de las diferentes especies no nativas a los Andes de Chile central, afectan a la presencia y abundancia de especies de plantas nativas a diferentes altitudes. En particular, se evaluaron los efectos de las especies no-nativas: *Tanacetum parthenium, Cynoglossum creticum* y *Taraxacum officinale, Cerastium arvense* en 2500 y 3600 m de altitud, respectivamente. En general, la presencia de los no-nativas no afectó la densidad de especies nativas, a pesar de la riqueza de especies a nivel comunitario se reduce en algunos casos. Mientras algunas especies nativas se vieron afectadas por la presencia de las no-nativas, otros fueron favorecidas. De este modo, se observó una compleja red de interacciones y efectos específicos de cada especie no-nativa.

FONDECYT 1130592, PFB-023, F ICM P05-002.

INVASIONES, PERO NO EXTINCIONES, CAMBIAN LA DIVERSIDAD FILOGENÉTICA DE ENSAMBLES DE PLANTAS EN ISLAS DEL SUDESTE DEL PACÍFICO

Carvallo G[1], Castro S A[2], [1]Instito de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[2]Laboratorio de Ecología y Biodiversidad, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Evaluamos si la extinción y la introducción de plantas exóticas modifican la diversidad filogenética en seis islas oceánicas situadas frente a la costa de Chile. En concreto, estudiamos la diversidad filogenética de ensambles de angiospermas comparando dos períodos: pre-colonización europea de las islas y tiempo actual. Se construyó una base de datos basada en herbarios y la literatura, en la que se registraron 921 especies de plantas, 165 y 756 eran de origen nativo o exótico, respectivamente. Con esta información estimamos el cambio de la filo-α-diversidad (medida como índice de Faith, MPD y MNTD) y filo-β-diversidad (basado en el índice PhyloSor) para las especies de nativas así como la flora completa. En promedio, observamos un aumento de la riqueza de especies en todas las islas estudiadas que fue acompañado por un aumento de la filo-α-diversidad de la flora (157% de aumento en el índice de Faith), aunque hubo disminución de este índice para las especies nativas (11% de disminución). Estimadores de phylo-α-diversidad en base a la distancia mostraron que tanto las extinciones como introducciones no alteraron la distancia filogenética media (MPD), una medida de "basal" diversidad filogenética de los conjuntos (por ejemplo, órdenes, familias) sugiriendo que las extinciones no han erosionado significativamente la estructura filogenética de la flora de las islas. Sin embargo, la diversidad media entre los taxa más cercanos (MNTD), un estimador de la diversidad filogenética "terminal" (por ejemplo, dentro géneros, tribus), observamos una importante disminución atribuible al gran agrupamiento filogenético de las especies dado que algunos clados están sobrerrepresentados en las islas (por ejemplo, Poaceae, Asteraceae, Fabaceae y Malvaceae). Respecto a la phylo-β-diversidad, se observó un recambio importante entre las islas dentro de cada período de estudio, especialmente para las especies nativas, aunque no existió recambio significativo entre los tiempos estudiados. A la luz de nuestros resultados, las invasiones han contribuido notablemente a configurar los ensambles de plantas mucho más que las extinciones en las islas estudiadas. Complementariamente, delineamos algunas restricciones metodológicas que permitan interpretar los efectos del cambio global en la diversidad filogenética de las plantas en estas islas.

Agradecimientos: FONDECYT 11150301 (GOC); Center for the Development of Nanoscience and Nanotechnology CEDENNA FB0807 (Linea 6), DICYT 021543CM, and USA1498.04 de la Universidad de Santiago de Chile (SAC).

CAMBIO GLOBAL EN AMBIENTES EXTREMOS: EVIDENCIA DESDE LOS MICROORGANISMOS Y CRIPTÓGAMAS EN DESIERTO, SUELOS POST-GLACIALES Y BOSQUES DE NEBLINA.

Alfaro F D[1], Perez C[2], Armesto J J[3], [1]Ecologia, Ciencias Biologicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.[2]Biogeoquimica, Ciencias Biologicas, Instituto de Ecología y Biodiversidad.[3]Ecologia, Ciencias Biologicas, Instituto de Ecología y Biodiversidad, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile.

Recently, it has been suggested that in many ecosystems microbial organisms and cryptogams perform the main functions. These critical functions, influenced by an inconspicuous biota, include decomposition, nutrient cycling and primary production. Microbes and cryptogams can be strongly affected by the global changes, particularly because they occur in extreme, often-fragile environments. Global changes expressed in increases in temperatures and UV radiation will be the next critical constrain for microbial activity in the Atacama Desert as well as in the Antarctic and sub-Antarctic regions. Declining fog inputs can be critical for the micro-biota in fog-forests. However, our knowledge of microbial associations and functions in extreme environments in Chile and their relationship with cryptogams is still relatively poor. As examples, we explore the interaction between UV radiation and nitrogen fixation capacity in biological soil crusts in the Atacama Desert, and the potential effects of warming on N-fixation and cycling in sub Antarctic soil communities and cryptogams. In the case of fog-forests, located in the southern limit of the Atacama Desert (i.e. Fray Jorge), we discuss evidence from a long-term study about the potential impacts of decadal trends in fog influx on forest dynamics and ecosystem functions. Chile will be strongly impacted by global changes, particularly because of the extensive area characterized as extreme environments, where microbial organisms perform the main ecosystem functions, which we are just beginning to understand.

1. Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Ecología, Alameda 340, Santiago, Chile

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

CARACTERÍSTICAS DEL NICHO ECOLÓGICO EN RELACIÓN A DESPLAZAMIENTOS PROYECTADOS POR CAMBIO CLIMÁTICO EN PLANTAS DE BOSQUES TEMPLADOS SUDAMERICANOS

Alarcón D[1,2], Cavieres L A[1,2], [1]Departamento de Botánica Universidad de Concepción.[2](IEB) Instituto de Ecología y Biodiversidad.

Con el objetivo de evaluar la relación entre las características del nicho ecológico y el desplazamiento proyectado por cambio climático en plantas de bosques templados de Sudamérica, analizamos la amplitud y posición relativa del nicho para 4 grupos representativos (9 árboles del género *Nothofagus*, 27 especies leñosas codominantes, 55 especies de helechos terrestres y 27 especies de helechos epífitos), mediante análisis de *Outlying Mean Index* (OMI) utilizando diversos índices bioclimáticos. En general, dos dimensiones separaron los nichos climáticos de las especies: OMI 1, principalmente correlacionada a la media del rango de temperatura, siguiendo la transición de biomas mediterráneo-templado-subantártico y OMI 2 mayormente correlacionada a la temperatura mínima invernal, siguiendo la transición desde la influencia moderadora oceánica hacia el límite altitudinal de la vegetación. Las variables que segregaron las especies en los análisis para cada grupo por separado, difirieron respecto del grupo total de plantas y mostraron relación con características fisiológicas o morfológicas de las especies. Los desplazamientos altitudinales proyectados siguieron lo esperado con una relación inversa a la amplitud de nicho. Los desplazamientos latitudinales proyectados mostraron relación directa con la amplitud de nicho (contrario a lo esperado), siguiendo el gradiente bioclimático de los bosques templados. La posición del nicho en OMI 1 resultó inversa a los desplazamientos altitudinales proyectados, implicando que mayores cambios proyectados en la transición de bioma templado hacia mediterráneo, mientras que en OMI 2 resultó directa considerando ambos gradientes de elevación y latitud, implicando así mayores cambios proyectados para especies fuera de la influencia moderadora oceánica.

MINECON F ICM P05-2005 and PFB-023 CONICYT

BIODIVERSIDAD VEGETAL OCULTA RECONSTRUIDA USANDO ADN EN EL SUELO DEL ATACAMA ANDINO

Carrasco-Puga G[1,2,3,4], Diaz F P[2,1], Soto D C[3,4,1], Latorre C[2,5], Gutiérrez R A[3,4,1], [1]Genetica Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.[2]Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.[3]Center for Genome Regulation FONDAP.[4]Center for Plant Systems and Synthetic Biology Millenium Nucleus.[5]Institute of Ecology and Biodiversity IEB. (Sponsored by Rodrigo A. Gutiérrez)

Las plantas desérticas exhiben múltiples estrategias para evadir la aridez; muchas crecen de forma esporádica o anual, dependiendo de la estacionalidad e intensidad de las lluvias. Esto hace que los estudios de riqueza vegetal en sistemas áridos estén sesgados temporalmente. En ambientes áridos, los suelos se podrían comportar como un reservorio de ADN ambiental, lo que permitiría identificar la diversidad vegetal potencial. Se extrajo ADN de suelo a lo largo de un transecto altitudinal en el Atacama andino, se amplificó el bucle P6 de intrón del gen cloroplastidial *trnL* y se realizó secuenciación masiva utilizando la tecnología Illumina. Se lograron identificar 45 taxa, 37 nativos, los que corresponden a 17 familias, 28 géneros y 29 especies o grupos de especies relacionadas. En general las secuencias de ADN vegetal recuperadas de suelo con el registro tradicional de especies de 6 años se parecen (Disimilitud de Bray-Curtis = 0,292). Mientras que, al contrastar por sitio, los registros de suelo se parecen más entre ellos que a las colectas tradicionales. Nuestros resultados muestran la utilidad del ADN para reconstruir la diversidad oculta del paisaje en ambientes áridos.

FONDAP Center for Genome Regulation, Millennium Nucleus Center for Plant Systems and Synthetic Biology y Institute of Ecology and Biodiversity.

COMUNICACIONES LIBRES II

FISIOLOGIA Y FISIOPATOLOGIA

LA DIETA ALTA EN GRASA ALTERA EL TONO DEL SISTEMA ENDOCANABINOIDE EN MÚSCULO ESQUELÉTICO DE RATÓN.

Sepúlveda C[1], Rodríguez J M[1], Monsalves-Alvarez M[1], Sepúlveda-Quiñenao C[1], Castillo V[2], Llanos M[2], Troncoso R[1,3], [1]Laboratorio ECRAN, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile.[2]Nutrición y Regulación Metabólica, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile.[3]Advanced Center for Chronic Diseases (ACCDiS) Universidad de Chile. (Sponsored by Rodrigo Troncoso)

Introducción: La dieta alta en grasa (DAG) afecta el tono del sistema endocanabinoide en diversos órganos, como tejido adiposo e hígado; sin embargo, en músculo esquelético esta relación ha sido poco estudiada. El objetivo de este trabajo es estudiar el efecto crónico de una DAG sobre el sistema endocanabinoide en el músculo esquelético. **Materiales y métodos:** 8 ratones CD-1 fueron separados en un grupo con dieta normal (DN) (n=4) y un grupo con DAG (n=4) por 6 meses. Al sexto mes los animales fueron sacrificados y se extrajeron el músculo sóleo, gastronemio y tibial anterior. La expresión de mRNA y proteína para receptores de endocanabinoides (RCB1/RCB2) y las enzimas que degradan endocanabinoides: monoacilglicerol lipasa (MAGL) y amidohidrolasa de ácidos grasos (FAAH) se evaluaron por RT-qPCR y Western Blot. **Resultados:** En tibial anterior la DAG aumentó significativamente la expresión de mRNA de RCB1 en comparación con la DN (5,67±1,59 vs 0,95±0,68), RCB2 (5,24±1,98 vs 0,93±0,23), FAAH (7,3±2,8 vs 1,3±0,06) y disminuyó MAGL (0,3±0,08 vs 1,04±0,09). En sóleo aumentó RCB1 (4,3±0,99 vs 2,3±0,2), y disminuyó FAAH (0,3±0,2 vs 1,3±0,4) y MAGL (0,36±0,09 vs 0,96±0,1). En gastronemio aumentó RCB2 (3,1±1,15 vs 0,84±0,17) y disminuyó MAGL (0,41±0,08 vs 1,1±0,2). La DAG aumentó la expresión proteica de RCB1 (0,6±0,1 vs 0,4±0,04) en tibial anterior. En sóleo DAG disminuyó RCB2 (0,157±0,06 vs 1,3±0,21). En gastronemio DAG disminuyó RCB2 (0,59±0,14 vs 1,9±0,44). **Conclusiones:** Nuestros resultados sugieren que la DAG altera el tono del sistema endocanabinoide, lo que sugiere efectos en la función metabólica del músculo esquelético.

Financiado por FONDECYT 11130285 (R.T.), 1130106 (M.Ll.) y FONDAP 15130011 (R.T.).

SEÑALIZACIÓN PURINÉRGICA EN EL NÚCLEO RETROPEZOIDE DE RATAS CON INSUFICIENCIA CARDIACA: UN NUEVO MECANISMO INVOLUCRADO EN EL DESARROLLO DE DESÓRDENES RESPIRATORIOS.

Toledo C[1], Andrade D[2], Arce A[3], Lucero C[3], Diaz H[3], [1]Laboratory of Cardiorespiratory Control, Center of Biomedical Research, Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Chile.[2]Departamento de Fisiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Chile.[3]Ciencias de la Salud Universidad Autónoma de Chile.

Pacientes con insuficiencia cardíaca de gasto preservado (CHF) presentan alteraciones del ritmo respiratorio caracterizadas por aumentos en la incidencia de apneas/hipoapneas. Se ha descrito que la señalización purinergica (SP_{ATP}) en el Núcleo Retrotrapezoide (RTN) contribuye a la modulación de la ventilación. Por lo tanto, evaluamos si ratas con CHF presentan alteraciones en la SP_{ATP} en el RTN, y su posible relación con alteraciones del patrón respiratorio. Ratas Sprague-Dawley fueron sometidas a sobrecarga de volumen para inducir la CHF. La variabilidad del ritmo ventilatorio fue evaluada mediante pletismografía de cuerpo completo. La activación neuronal y expresión de proteínas asociadas a la SP_{ATP} en el RTN fue realizada mediante inmunoblot. Además, cuantificamos la concentración de ATP en micropunches del RTN. En comparación a ratas controles, las ratas CHF presentaron un incremento en el índice de apneas/hipopneas (9,7±1,1 vs. 20,2±1,6 eventos/hora, $p<0.05$), disminución en la expresión de $GFAP_{RTN}$ (65±7% vs. 100±2% $p<0.05$), una disminución de los niveles de ATP_{RTN} (6.0±0.5 vs. 9.7±0.8 pmoles/100µg de proteína $p<0.05$) y una disminución en la expresión del receptor purinergico P_2X_7 (45±8.4% vs. 100±15.0% $p<0.05$). Por el contrario, no se encontraron cambios en la expresión del marcador de actividad neuronal $FosB_{RTN}$ (95±4.8% vs. 100±2.0%) y el marcador estructural de glia, $S100\beta_{RTN}$ (85±11.8% vs. 100±9.5%) entre animales CHF y controles. Nuestros resultados sugieren que los desórdenes respiratorios observados en CHF estarían asociados a una disminución en la actividad de los astrocitos en el RTN y una disminución en la señalización purinergica.

Financiado por Fondecyt 1140275

ROL DEL EJERCICIO FÍSICO EN EL DETERIORO DE LA FUNCIÓN CARDIACA EN LA INSUFICIENCIA CARDIACA DE FRACCIÓN EYECTADA PRESERVADA

Andrade D C[2,1], Arce-Alvarez A[1], Toledo C[1], Lucero C[1], Iturriaga R[2], Aliaga V[1], Dias H[1], Del Rio R[1], [1]Lab. Cardiorespiratory Control, Center of Biomedical Research, Universidad Autónoma de Chile.[2]Lab. Neurobiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by Rodrigo Del Rio)

En la insuficiencia cardiaca de fracción eyectada preservada (HFpEF) el ejercicio físico ha mostrado tener efectos beneficiosos los cuales dependerían de la tolerancia al entrenamiento. Por lo tanto, estudiamos los efectos del ejercicio sobre la función cardiaca en ratas con HFpEF tolerantes al ejercicio (T) e intolerantes al ejercicio (inT). La HFpEF fue inducida mediante sobrecarga de volumen en ratas Sprague Dawley machos de 250-g. Luego de 6 semanas de entrenamiento (60 min/día, 25 m/min, 10% inclinación), medimos la función cardiaca, el balance autonómico cardiaco y la respuesta ventilatoria a la hipoxia (HVR, 10% O_2). La prevalencia de inT al ejercicio en ratas con HFpEF fue un 40%. Los animales T mostraron una mejora en la función cardiaca sistólica (1.5-veces) sin cambios en la función diastólica. Al contrario, los animales inT mostraron un empeoramiento de la función cardiaca diastólica (820±55 vs. 372±25 µl V30, HFpEF-inT vs. HFpEF-T, respectivamente), sin cambios en la función sistólica. Las arritmias cardiacas fueron menos en las ratas T vs. inT (43±3 vs. 196±9, eventos/hr, p< 005, HFpEF-T vs. HFpEF-inT, respectivamente). El ejercicio normalizó la HVR en las ratas T, pero los animales inT mostraron una disminución significativa en la HVR. Además, los animales inT al ejercicio mostraron una disminución en la sobrevivencia durante la estimulación hipóxica (40% vs 100%, HFpEF-inT vs. HFpEF-T, respectivamente). Nuestros resultados sugieren que los efectos beneficiosos del ejercicio sobre la función cardiaca en ratas con HFpEF dependen de la tolerancia al mismo, la cual podría estar relacionada a la normalización de la respuesta quimiorrefleja hipoxica.

Financiado por Fondecyt 1140275 y 1150040

ESTRÉS DE RETÍCULO ENDOPLÁSMICO Y NEUROINFLAMACIÓN EN INSUFICIENCIA CARDIACA: POSIBLE RELACIÓN CON LA SIMPATO-EXCITACIÓN.

Díaz H[1], Toledo C[1], Andrade D C[1], Arce A[1], Lucero C[1], [1]Centro de Investigación Biomédica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Chile. (Sponsored by Rodrigo Del Río Troncoso)

La insuficiencia cardiaca (HF) se caracteriza por la sobre-activación del sistema nervioso simpático. Se ha reportado que existe estrés de retículo endoplásmico (ERS) en el cerebro en modelos animales de HF lo que sugiere la existencia de un proceso de neuroinflamación asociado a la progresión de la patología. Sin embargo, esto no ha sido estudiado. Por lo tanto, evaluamos la activación de la ruta neuroinflamatoria en la médula rostral ventrolateral (RVLM) de ratas con HF, región clave en el control simpático. En ratas Sprague-Dawley con HF inducida por aumento de volumen, estudiamos parámetros hemodinámicos mediante ecocardiografía y construcción de loops presión-volumen. Luego, se obtuvieron micropunches del RVLM para analizar la activación del sistema RAS por Western blot (AT_1R y NFkB). Asimismo, se midieron marcadores de ERS (BiP, CHOP y XBP1) y neuroinflamación (CD11b, TNF-α, IL-1β) mediante RT-qPCR. Respecto de los ratas controles, los animales con HF mostraron hipertrofia cardiaca (HW/BW: 4.1±0.4 vs. 2.7±0.3, HF vs. Sham, $P<0.05$), disfunción diastólica (EDPVR: 0.007±0.001 vs. 0.003±0.001 1/µl, HF vs. Sham, $P<0.05$), aumento del tono simpático e hiper-activacion neuronal en el RVLM. Además, encontramos niveles aumentados de AT_1, p65, C11b, TNF-α, IL-1β, XBP1 y CHOP en el RVLM de los animales con HF. Nuestros sugieren la presencia de neuroinflamación en el RVLM de ratas HF, el cual estaría mediado por ERS y RAS y podría contribuir al deterioro de la enfermedad.

FONDECYT #1140275

FENOFIBRATO: UN NUEVO (Y ANTIGUO) FARMACO QUE INHIBE EL CONSUMO DE ALCOHOL

Karahanian E[1,2], Rivera Meza M[3], Jerez E[4], Muñoz D[1], Quintanilla M E[4], [1]Centro de Investigacion Biomedica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Chile.[2]Centro de Investigación para el Estudio de la Conducta del Consumo de Alcohol en Adolescentes, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Chile.[3]Depto. Química Farmacológica y Toxicológica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.[4]Programa Farmacología Molecular y Clínica-ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

El etanol es metabolizado a acetaldehído tanto a nivel periférico como en el sistema nervioso central. Existe gran cantidad de evidencia que muestra que el acetaldehído generado en el cerebro luego de consumir alcohol produce efectos gratificantes, mientras que el acetaldehído generado en el hígado es aversivo cuando su concentración aumenta en la periferia. El disulfiram, una droga que inhibe a la aldehído deshidrogenasa tanto en hígado como en cerebro (aumentando los niveles de acetaldehído en ambos), no es efectivo para reducir la ingesta de etanol en ratas que han estado bebiendo en forma crónica. En consecuencia, es deseable encontrar un fármaco que sea capaz de aumentar los niveles de acetaldehído en la periferia, sin alterar los niveles en cerebro. En este sentido, el fenofibrato (un fármaco que se usa clínicamente hace décadas para el tratamiento de las dislipidemias) causa una elevación en los niveles hepáticos de catalasa, una enzima capaz de oxidar el etanol a acetaldehído. Al administrar fenofibrato a ratas UChB (bebedoras), se observó una marcada disminución en el consumo voluntario de alcohol. Los niveles plasmáticos de acetaldehído se elevaron 8 veces. No observamos elevación en marcadores sanguíneos de daño hepático.

Financiado por proyectos Fondecyt 1150850 y Conicyt Anillo ACT1411

LA POTENCIACIÓN QUIMIOSENSORIAL DEL CUERPO CAROTIDEO Y LA HIPERTENSIÓN INDUCIDAS POR LA HIPOXIA INTERMITENTE CRÓNICA DEPENDEN DEL ESTRÉS NITROXIDATIVO

Oyarce M P[1], Moya E[1], Arias P[1], Del Rio R[2], Iturriaga R[1], [1]Neurobiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.[2]Lab. of Cardiorespiratory Control, Center of Biomedical Research, Universidad Autónoma de Chile. (Sponsored by Fondecyt 1150040)

La hipoxia intermitente crónica (HIC) es el principal factor de riesgo para el desarrollo de hipertensión en pacientes con apnea obstructiva del sueño (AOS). En modelos experimentales de AOS, la HIC produce estrés nitroxidativo y potencia la descarga quimiosensorial del cuerpo carotideo (CC), causando hiperactivación simpática e hipertensión. Proponemos que la potenciación quimiosensorial y la hipertensión dependen críticamente de la formación de peroxinitrito (ONOO-). En ratas Sprague-Dawley machos de 250g expuestas a HIC (5% O_2 12 veces/h por 8 h/día) durante 7 días estudiamos los efectos de Ebselen (10 mg/Kg/día), administrado mediante bombas osmóticas subcutáneas, sobre la immunorreactividad de 3-nitrotirosina (3-NT-ir) en el CC y la respuesta quimiosensorial carotidea a la hipoxia. En experimentos separados, usando radiotelemetría para medir presión arterial, determinamos si una vez desarrollada la hipertensión, el tratamiento con Ebselen podía revertir el alza de presión arterial. Luego de 7 días de exposición a HIC, las ratas mostraron potenciación quimiosensorial y aumento de 3-NT-ir en el CC, siendo ambas respuestas prevenidas por Ebselen. En ratas con hipertensión, el tratamiento con Ebselen revirtió el aumento de la presión arterial en presencia del estímulo hipóxico. Estos resultados sugieren que la potenciación quimiosensorial y la hipertensión dependen de la formación de ONOO- en el CC bajo HIC.

Financiado por Fondecyt 1150040

EFECTOS DEL TRATAMIENTO CRÓNICO CON FENITOINA SOBRE LA EXITABILIDAD DEL NERVIO CIÁTICO DE LA RATA

Alcayaga J[1], Ortiz I L[1], [1]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La fenitoína (PHT) es una droga antiepiléptica utilizada para el control de la híper-excitabilidad cortical, que también posee efectos sobre el sistema nervioso periférico. El tratamiento agudo con PHT reduce la actividad aferente, la velocidad de conducción (VC) en nervios periféricos y la amplitud del potencial de acción muscular, por su efecto bloqueador de la corriente de Na^+ persistente. Sin embargo, ya que no existen datos sobre el efecto del tratamiento crónico con PHT sobre las propiedades de nervios periféricos, estudiamos sus efectos crónicos sobre las propiedades del nervio ciático (NC) de ratas. A ratas Sprague-Dawley machos (180-300 g), bajo anestesia con isoflurano, se les colocó una bomba osmótica subcutánea conteniendo vehículo (n=4) o PHT (n=3; dosis diaria: 10 mg/kg), aplicando antiinflamatorio y analgésico al final del procedimiento. Después de 1-3 semanas, los animales fueron anestesiados (ketamina/xilacina: 75/7.5 mg/kg) y el NC obtenido bilateralmente. El nervio fue desprovisto de su cubierta, y dispuesto sobre electrodos al interior una cámara de registro, saturada con vapor de agua a 32°C. El potencial de acción compuesto (PAC) fue evocado por pulsos de 20-100 µs de duración y de amplitud variable para determinar el umbral mínimo y máximo de estimulación. La VC de conducción se calculó a partir de dos mediciones de conducción a diferentes distancias. La amplitud y la VC de los componentes más rápidos del PAC no fueron modificadas significativamente por el tratamiento. Sin embargo, aunque no se modificó significativamente la reobase, el umbral de descarga disminuyo significativamente para todas las duraciones de estímulo menor que 100 µs. Así, la cronaxia se redujo significativamente desde 66,2 ± 0,2 s a 42,5 ± 0,3 s por efecto del tratamiento. Nuestros resultados muestran que el tratamiento crónico con PHT aumenta la excitabilidad de las fibras de mayor VC del nervio ciático, sugiriendo que los efectos periféricos del tratamiento crónico pueden diferir de los conocidos efectos centrales.

FONDECYT 1130177

OJO SECO FRECUENTE EN PACIENTES GLAUCOMATOSOS BAJO DISTINTAS TERAPIAS FARMACOLOGICAS

Salinas-Toro D[1], López D[1], Pérez C[1], Cartes C[1], Traipe F[2], Traipe-Castro L[1], López-Solís R[2], [1]Laboratorio de Superficie Ocular Fundación Oftalmológica Los Andes, Chile.[2]ICBM Biología Celular y Molecular, Medicina, Universidad de Chile.

Glaucoma, neuropatía óptica crónica progresiva, asociada a presión intraocular elevada. Principal causa de ceguera irreversible en el mundo. La primera línea de tratamiento es la farmacoterapia ocular tópica diaria para facilitar drenaje y/o regular producción del humor acuoso. Hoy existen distintos tipos de fármacos antiglaucomatosos (FAG) que difieren en mecanismo de acción y/o el vehículo. Estos producen malestar e irritación ocular, generando rechazo al tratamiento. Este estudio transversal prospectivo compara grupos de pacientes (n_{max}=30 ojos/grupo) tratados con distintos FAG (control sin FAG): tipos de fármacos (bloqueadores beta-adrenérgicos, análogos de prostaglandinas, inhibidores de anhidrasa carbónica), tipo de preservante (cloruro de benzalconio, Polyquad) y dosificación. Los pacientes fueron sometidos a evaluación clínica y de laboratorio de síntomas (OSDI) y signos relacionados con producción lagrimal basal, estabilidad lagrimal, cristalización y osmolaridad lagrimal, citología de la superficie ocular, marcadores de daño tisular (MMP-9) y evaluación de glándulas lagrimales liposecretoras (Meibomio). Se distribuyó a los pacientes entre Ojo Seco y Normales. Se observó alta prevalencia de Ojo Seco y cristalización lagrimal alterada(50-94%) en todos los grupos de estudio (factor etario) con deterioro adicional del volumen de secreción y/o estabilidad lagrimal, daño e inflamación en la superficie ocular en ojos tratados con FAG. La microcristalización lagrimal alterada se acompaña de cambios importantes en un dominio del microdesecado rico en lípidos, semejantes a los producidos experimentalmente en microdesecados lagrimales normales tratados con cloruro de benzalconio. Se sugiere que los FAG inducen Ojo Seco con alteración de la capa lipídica lagrimal.

Proyecto Fondecyt 1151005

COMUNICACIONES LIBRES III

ECOLOGIA- EVOLUCION

CARACTERIZACIÓN DE LA PERSONALIDAD EN UN AVE DEL SUR DE CHILE

Poblete Y[1,2], Botero-Delgadillo E E[1], Espíndola-Hernandez P[1], Sudel G[1], Vásquez R[1], [1]Ciencias ecológicas, Ciencias, Universidad de Chile.[2]Instituto de Ciencias Naturales Universidad de Las Américas. (Sponsored by Instituto de Ecología y Biodiversidad)

En la última década, diversos estudios han demostrado que los individuos de una misma especie difieren de manera consistente en su comportamiento. Este fenómeno, conocido como personalidad animal, se define como la variabilidad conductual intra-específica consistente a través del tiempo y/o en diferentes contextos. Con el fin caracterizar la personalidad del paseriforme rayadito (*Aphrastura spinicauda*), recolectamos información de 104 adultos durante 3 estaciones reproductivas en una población ubicada en isla Navarino, Provincia de Cabo de Hornos (55°S 68°O). Realizamos 4 pruebas conductuales con las cuales se cuantificó la conducta agresiva bajo 3 contextos diferentes (manipulación, intrusión humana e intrusión de un conespecífico en el territorio), además de la conducta exploratoria frente a un ambiente nuevo. Nuestros resultados revelaron relaciones positivas y significativas entre los diferentes comportamientos, analizados bajo 2 aproximaciones: diferentes conductas bajo el mismo contexto y la misma conducta en diferentes contextos. Los resultados respaldan la visión de que los individuos se comportan de manera consistente, lo cual nos permite sugerir la presencia de diferentes tipos de personalidad en la población.

BECA DOCTORAL 21130127, FONDECYT 1140548, P05-002-ICM y PFB 023

SELECTIVIDAD Y ESPECIFICIDAD EN REPRESENTANTES DE *CALOPLACA* S.L. (TELOSCHISTACEAE) EN COMUNIDADES AISLADAS EN LAS ISLAS SHETLAND DEL SUR, ANTÁRTICA.

Vargas-Castillo R[1], [1]Herbario Federico Johow, Departamento de Biología, Ciencias Básicas, Universidad Metropolitana de Ciencias de La Educación.

Poco se sabe acerca de la naturaleza de las asociaciones entre mico- y fotobiontes en comunidades aisladas como las que se presentan en las zonas libres de hielo en la Antártica Marítima. Para comprender como ocurre el establecimiento de líquenes, estudiamos la diversidad de fotobiontes asociados a representantes de *Caloplaca s.l.* (incluyendo a *Austroplaca, Flavoplaca, Gondwania, Pyrenodesmia* s.l., *Parvoplaca, Shackletonia,* entre otros), uno de los grupos más ricos en comunidades aisladas libres de hielo en las Islas Shetland del Sur. Analizamos secuencias de nrDNA ITS de los fotobiontes de diferentes talos en comunidades seleccionadas en el sistema de islas para determinar la diversidad de haplotipos y establecer el grado de selectividad y especificidad de los fotobiontes. Especímenes de 17 especies de *Caloplaca s.l*. fueron encontradas en zonas libres de hielo a lo largo de un gradiente latitudinal en las Islas Shetland del Sur. La mayoría de las especies estaban asociadas a diferentes haplotipos de *Trebouxia arboricola s.l*. Del mismo modo, diferentes especies coexistentes compartían los mismos fotobiontes, indicando la existencia de transmisión horizontal y un reducido pool de fotobiontes disponibles. Nuestros resultados indican que las especies de *Caloplaca s.l.* presentan una especificidad moderada, indicando que factores ecológicos de corta data (i.e. disponibilidad de agua líquida y de sustrato) pueden resultar en especificidad local y especialización de los micobiontes como producto de procesos de adaptación local.

INACH RT 01-13

LÍQUENES AL EXTREMO: "ALTA" DIVERSIDAD DE LÍQUENES EN MICROREFUGIOS DE ZONAS LIBRES DE HIELO EN GLACIAR UNIÓN (80°S), ANTÁRTICA CONTINENTAL

Vargas-Castillo R[1], [1]Herbario Federico Johow, Departamento de Biología, Ciencias Básicas, Universidad Metropolitana de Ciencias de La Educación.

Los líquenes, dada su condición simbiótica formando sistemas ecológicos cerrados, son considerados como organismos extremófilos por excelencia. En la Antártica existen registros de individuos aislados hasta cerca de los 85° S. no obstante, su presencia en las zonas interiores del continente no ha sido del todo explorada. Glaciar Unión es una zona ubicada a los 79°S, 83°O en las Montañas Ellsworth. En la zona, muchas de las cumbres que rodean el Glaciar se presentan libres de hielo en el periodo estival, permitiendo la presencia de sustratos disponibles para líquenes, los que corresponden al único tipo de organismo macroscópico observable en la zona. De manera preliminar, en los alrededores del Glaciar Unión se ha identificado la presencia de 18 especies de líquenes, pertenecientes a 13 géneros. Esta diversidad se relaciona con aspectos ecológicos particulares que se dan a nivel de microhábitat, tales como disponibilidad de agua líquida, temperatura y déficit en presión de vapor; y se correlaciona directamente con las horas diarias en las que los talos se encuentran húmedos o donde la húmedad relativa de los alrededores de los talos supera el 50%. Estos resultados indican que, a pesar de las condiciones climáticas adversas con casi nula precipitación de agua líquida, los talos se mantienen fisiológicamente activos gracias a humedades relativas altas en rocas con alta exposición solar, favoreciendo el establecimiento y desarrollo de nuevos individuos.

Esta investigación fue financiada por el proyecto INACH RT 01-13. Se agradece el apoyo logístico de INACH, la Fuerza Aérea, Ejército y Armada de Chile.

RELACIONES FILOGENÉTICAS DE LAS ESPECIES CHILENAS DEL GÉNERO *LIOLAEMUS* GRUPO *MONTANUS*.

Ruiz De Gamboa M[1], Correa-Quezada C[2], Ortiz-Zapata J C[2], [1]Programa de Doctorado en Sistemática y Biodiversidad, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[2]Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

Liolaemus es uno de los géneros de lagartos con más especies descritas. Debido a su diversidad de formas de vida, reproducción y alimentación, han logrado colonizar la más amplia gama de condiciones ambientales registradas para cualquier género de lagartos. Aunque por estas características *Liolaemus* ha sido modelo de estudio de diversas investigaciones evolutivas, aún existe un gran desconocimiento de las relaciones filogenéticas de algunos grupos de especies. En este sentido, destaca el grupo *montanus* por tener especies que habitan zonas poco accesibles como el desierto y altas cordilleras. Con al menos 57 especies distribuidas entre Argentina, Bolivia, Chile y Perú, el conocimiento de las 23 especies de *Liolaemus* del grupo *montanus* en Chile es escaso. Este grupo, de origen argentino, posee un alto grado de endemismo en Chile (69,6%). En este trabajo se presenta la primera hipótesis filogenética molecular del grupo *montanus* que incluye el 78.3% de las especies chilenas reconocidas actualmente. Nuestros resultados permiten inferir que las condiciones ambientales y/o geográficas de los ambientes que estas especies habitan, han generado divergencias genéticas en poblaciones que se creían pertenecientes a una misma especie. Por otra parte, existirían sectores que sí permiten la conespecificidad de poblaciones descritas en más de un taxa. Se necesitan estudios de delimitación de especies para dilucidar la verdadera riqueza de *Liolaemus* del grupo *montanus* en Chile. Se agradece a la Beca Doctorado Nacional y Apoyo de Tesis Conicyt 21120577.

RELACIÓN SIMBIÓTICA ENTRE INSECTO-BACTERIA: EFECTO DE LA PRESENCIA DEL ENDOSIMBIONTE FACULTATIVO *REGIELLA INSECTICOLA* EN LA RESPUESTA DEFENSIVA DEL ÁFIDO DEL CEREAL *SITOBION AVENAE* (HEMIPTERA: APHIDIDADE)

Ramírez-Cáceres G[1], Moya-Hernández M[1], Quilodrán M[2], Nespolo R[3], Ramírez C[2], [1]Núcleo Milenio, Centro de Ecología Molecular y Aplicaciones Evolutivas en Agroecosistemas, Ciencias Biológicas, Universidad de Talca.[2]Centro de Ecología Molecular y Aplicaciones Evolutivas en Agroecosistemas, Ciencias Biologicas, Universidad de Talca.[3]Ciencias de la Tierra y Evolución, Ciencias, Universidad Austral de Chile. (Sponsored by Núcleo Milenio, Centro De Ecología Molecular Y Aplicaciones Evolutivas En Agroecosistemas)

Los áfidos presentan asociaciones facultativos con endosimbiontes (EF), una de ellas es *Regiella insecticola*, el cual confiere ventajas ecológicas como defensa contra enemigos naturales. El objetivo del trabajo fue evaluar las respuestas defensivas del áfido *Sitobion avenae,* frente al ataque del enemigo natural *Hippodamia variegata*, en función de la presencia y ausencia del EF *R. insecticola*. En cada caso se evaluó el porcentaje de evasión. También se evaluó el porcentaje de individuos consumidos. Por otro lado, se evaluó la tasa metabólica en reposo de los insectos con y sin endosimbiontes. Se detectó que áfidos que albergan EF fueron más consumidos que aquellos que carecían del EF. También se determinó que los insectos con EF evaden en mayor proporción el ataque de *H. variegata*. Respecto a la tasa metabólica, se determinó que áfidos que portan el EF poseen una tasa metabólica menor en comparación a áfidos que no lo poseen, a su vez áfidos con elEFposeen una masa mayor. Estos resultados sugieren que la presencia del EF posee ciertos costos ecológicos en la asociación áfido-bacteria. Por último, la interacción *R. insecticola*-áfido, pueda depender de la presión de selección de la depredación, favoreciendo selectivamente ciertas frecuencias en algunos entornos como en otros no.

Agradecimientos: Centro de Ecología Molecular (CEM) NC120027.

ANÁLISIS DEL LARGO TELOMÉRICO EN RELACIÓN AL ESTATUS OXIDATIVO Y NIVELES DE GLUCOCORTICOIDES EN CÓNDOR ANDINO (*VULTUR GRYPHUS*).

Duclos M[1], Pavez E[2], Guerrero J[3], Quirici V[1], [1]Departamento de Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.[2]Avenida Nueva Providencia 1881, oficina 2208, Providencia, Santiago, Bioamérica Consultores.[3]Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Recursos Naturales y Medicina Veterinaria, Universidad Santo Tomás.

El largo de los telómeros ha sido ampliamente utilizado como biomarcador de salud y predictor de sobrevida en variados taxa. Los telómeros son particularmente sensibles al estrés oxidativo y éste se ve incrementado por el aumento de glucocorticoides, principal hormona del estrés en vertebrados. Estudios en aves de cautiverio y vida libre, han demostrado una relación negativa entre los glucocorticoides, el estrés oxidativo y el largo telomérico (LT). En aves longevas los telómeros no se acortan con la edad, siendo el estrés el principal mecanismo de acortamiento. Con el fin de evaluar el efecto del estrés en el LT, se compararon los niveles de corticoesterona (CORT), especies reactivas de oxígeno (d-ROMs), capacidad antioxidante (PAT) y LT en individuos de cóndor andino de cautiverio. Se colectaron muestras de sangre de 33 individuos de diferente sexo y edad (entre uno y 19 años). Para evaluar la relación entre las variables medidas, se realizó un Análisis de Vías. Los resultados no mostraron diferencias entre el LT y la edad, sexo o estatus de estrés. Los niveles de CORT fueron más altos en individuos juveniles y, tendieron a mostrar una asociación negativa con d-ROMs y positiva con PAT. El análisis de vías mostró una relación positiva entre el LT y niveles de PAT. Los resultados revelan una tendencia consistente de efectos protectores de los antioxidantes en la mantención del LT en el cóndor andino. Agradecemos al Dr. Jürgen Rottman, Zoológico Metropolitano y Zoológico de Quilpué por la facilitación de las muestras y a Fondecyt 11130245 por el financiamiento.

Agradecemos a Fondecyt 11130245 por el financiamiento.

LA PERTURBACIÓN NATURAL AUMENTA LA DISPERSIÓN FUNCIONAL A ESCALA META-COMUNITARIA Y DE PARCHE EN UN AMBIENTE ÁRIDO: IMPLICANCIAS SOBRE LA INVASIÓN DE PLANTAS EXÓTICAS Y LA ESTRUCTURA FILOGENÉTICA

Escobedo V M[1], Ríos R S[1], Alcayaga-Olivares Y[1], Gianoli E[1,2], [1]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de La Serena.[2]Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

La perturbación modifica los procesos de ensamble comunitarios que subyacen al incremento o disminución de la diversidad y el éxito de invasión de plantas dependiendo del contexto ambiental y la escala espacial. Se evaluó si el incremento de la perturbación natural promueve procesos de similitud limitante o filtro de hábitat en dos escalas espaciales y cuales son sus consecuencias sobre el proceso de invasión. En un matorral árido del centro de Chile, se midió la riqueza y abundancia de especies nativas/exóticas, y 8 rasgos funcionales. Se estimó la estructura funcional y filogenética para identificar el proceso de ensamble a escala meta-comunitaria (10 parcelas de 100m^2) y de parche (250 cuadrantes de 1m^2) a través de un gradiente perturbación provocado por el roedor endémico *Spalacopus cyanus*. Los resultados muestran que la riqueza de exóticas disminuye con la perturbación en ambas escalas, mientras que las nativas muestran una relación cóncava y de incremento a escala meta-comunitaria y de parche, respectivamente. En cuanto a los procesos de ensamble, la estructura funcional aumentó con la perturbación en ambas escalas y la filogenética disminuyó a escala de parche. Concluimos que la perturbación natural disminuyó la dominancia competitiva en ambas escalas, afectando negativamente al proceso de invasión. La discrepancia entre los resultados funcionales y filogenéticos puede deberse convergencia evolutiva.

PATRONES FILOGEOGRÁFICOS CONTRASTANTES DE DOS ESPECIES DE ANFIBIOS CODISTRIBUIDOS EN LOS ANDES DE CHILE CENTRAL (ANURA, ALSODIDAE, *ALSODES*)

Correa C[1], Mora M[2], Coronado T[1], Vásquez D[3], Torres-Pérez F[4], [1]Departamento de Zoología Universidad de Concepción.[2]Vida Nativa ONG.[3]Departamento de Ecología Pontificia Universidad Católica de Chile.[4]Instituto de Biología Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Alsodes es el género de anfibios con más especies representadas en Chile. La mayoría de las especies son características de los bosques templados del sur de Chile y Argentina, pero hay tres especies endémicas de Los Andes. Dos de estas especies, *A. montanus* y *A. tumultuosus*, son endémicas de Chile y tienen el mismo rango de distribución latitudinal (32°20'-35°S). Aunque ambas especies comparten los mismos sistemas hídricos, *A. montanus* es más acuática que *A. tumultuosus*, lo cual se refleja en sus características morfológicas. En este estudio se exploró la estructura filogeográfica de ambas especies a lo largo de toda su distribución con secuencias del gen mitocondrial citocromo b. *Alsodes montanus* presenta una fuerte estructura filogeográfica, donde se reconocen tres grupos con alta divergencia genética. En contraste, *A. tumultuosus* tiene una escasa estructura filogeográfica, sin agrupaciones evidentes. A pesar de estas diferencias, las dos especies muestran una variación genética intrapoblacional muy baja. Se discuten las posibles causas de estos patrones de variación y las implicancias de estos resultados para la conservación de estas especies.

Fondecyt 1140929 y PAI 79130032

COMUNICACIONES LIBRES IV

BOTANICA Y SISTEMATICA VEGETAL

INFLUENCIA DE LOS REGULADORES DEL CRECIMIENTO SOBRE LA EMBRIOGÉNESIS SOMÁTICA EN *MASTIGOSTYLA CYRTOPHYLLA* I.M. JOHNST.

Reyes, C. M A[1], Belmonte, S. E[2], Rojas, V. G[3], [1] Instituto de Investigaciones Agropecuarias, La Platina.[2]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Tarapacá.[3] Museo Nacional de Historia Natural.

Mastigostyla cyrtophylla I.M. Johnst., es una especie herbácea, perenne, bulbosa que pertenece a la familia Iridaceae. Esta geófita nativa crece en el área andina del norte de Chile, entre los 2000 a 3800 msnm, en laderas de exposición norte. Su hábitat es caracterizado por la extrema aridez con un marcado contraste térmico, cuya presencia está condicionada por las lluvias estivales. Esta especie ostenta un alto valor ornamental por su vistosa vara floral con dos a cuatro flores de tonalidades violetas. Sus flores efímeras, emergen y maduran de a una, proceso que alarga la floración. Preliminarmente, hemos estudiado su propagación *in vitro* para establecer la multiplicación clonal desde explantes de escamas de bulbos, como una alternativa para su conservación y uso sustentable. En la siguiente fase de investigación se estableció inducir la embriogénesis somática como herramienta biotecnológica de eficiente regeneración clonal, por su estabilidad y alta capacidad de producción. El objetivo de este segundo estudio, fue determinar el efecto de las fitohormonas y la concentración de éstas en la inducción de la embriogénesis somática. En el medio Murashige and Skoog se evaluó la acción de tres reguladores del crecimiento: 6–bencilaminopurina (BAP), ácido naftalenacético (ANA) y ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D), en dos combinaciones y distintas concentraciones (0,1 a 0,3 mg/l). La respuesta morfogénica de los explantes fue dependiente de la presencia y concentración de los reguladores del crecimiento. Se observó organogénesis indirecta principalmente en la combinación de ANA y BAP en todas las concentraciones ensayadas. El resultado fue la inducción de bulbillos desde tejido indiferenciado (callo) de apariencia suelta, color crema, translucido. En cambio, el tejido proembrionario fue observado en la combinación de 2,4D y BAP, desarrollándose estructuras embriogénicas desde un callo, con apariencia friable, compacta y color amarillo.

LA RED FLO-R-ES PARA ESTUDIOS CONTEMPORÁNEOS DE LA ESTRUCTURA Y BIOLOGÍA DE LA FLOR

Bull-Hereñu K[1], Iwamoto A[2], Dos Santos P[3], Leite El Ottra J H[4], Toni J F[5], Ronse De Craene L[6], Claßen-Bockhoff R[7], [1]Sección Botánica Museo Nacional de Historia Natural.[2]Department of Biology Tokyo Gakugei University.[3]Centre for Ecology, Evolution and Environmental Changes University of Lisbon.[4]Instituto de Biociências Universidade de São Paulo.[5]Switzerland University of Basel.[6]United Kingdom Royal Botanic Garden Edinburgh.[7]Institut für Spezielle Botanik Johannes Gutenberg-Universität.

La red FLO-R-ES (acrónimo para Flower Research Synectics) se creó en el 2014 para fomentar la discusión y colaboración entre investigadores interesados en el estudio de la flor. FLO-R-ES pretende de este modo ser una plataforma para diseñar, discutir y promover investigación en conjunto que permita explicar a la flor desde una perspectiva evolutiva. Las principales áreas de interés de los participantes de FLO-R-ES van desde la morfogénesis y plasticidad fenotípica hasta la sinorganización de la flor, su biología y su evolución. A la fecha, FLO-R-ES ha organizado simposios en dos reuniones intrenacionales y está preparando su tercer encuentro para la reunion IBC 2017 en Shenzen, China. Los trabajos presentados en el primer simposio aparecieron publicados en un volumen especial de la revista *Flora - Morphology, Distribution, Functional Ecology of Plants* (2016).

Fundación Flores

AEROBIOLOGÍA DE LA CIUDAD DE TALCA, CHILE: DISTRIBUCIÓN ESTACIONAL DE LOS TIPOS POLÍNICOS Y ALERGIAS.

Peñailillo P[1], Moraga A[2], Pereira I[1], Urzúa J[3], Mardones P[4], [1]Instituto de Ciencias Biológicas Universidad de Talca.[2]Escuela de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Talca.[3]Escuela de Ingeniería Forestal, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Talca.[4]FUNDAMAS Fundación de Aerobiología, Medio Ambiente y Salud, Santiago de Chile.

Las alergias producidas por polen o polinosis son frecuentes en el país, afectando al 15% de la población adulta y al 30% de los jóvenes. Los primeros estudios sobre polinosis dieron cuenta de los tipos polínicos presentes en el aire, pero no de su cantidad. Recientes investigaciones en Valparaíso, Santiago, Talca y Temuco indican las concentraciones volumétricas de éstos y, principales tipos polínicos presentes en la atmósfera, destacando especies alóctonas y de polinización anemófila. Como objetivo se caracterizó el polen aerovagante y determinó la frecuencia a sensibilización positiva a determinados alérgenos. Para ello, el polen atmosférico fue muestreado mediante un captador volumétrico Hirst, siguiendo la metodología de World Allergy Organization. Para los test-cutáneos se utilizó una batería de alérgenos *ad hoc* a Talca, testeados en pacientes que resultaron presentar Rinitis-Alérgica según la encuesta SFAR. Los resultados indican que la mayoría de los tipos polínicos pertenecen a especies arbóreas alóctonas, pastos o gramíneas y malas hierbas, presentando una mayor abundancia en la estación primavera-verano. Los tipos polínicos arbóreos se registraron al inicio de primavera, en cambio, los pastos y malas hierbas en plena primavera y verano. Los pacientes estudiados mostraron reacciones diferenciles a los siguientes alérgenos: A, alérgenos de mezclas de pastos, *Cynodon dactylon*, y Chenopodiaceae; B, alérgeno de plátano oriental y; C, alérgenos de llantén, vinagrillo y olivo. Concluyendo que el alérgeno A provoca una mayor sensibilización a Rinitis-Alérgica en la población.

Proyecto financiado por la Dirección de Investigaciones de la Universidad de Talca.

PROPAGACIÓN *IN VITRO* DE LA PLANTA *VESTIA FOETIDA*, UNA ESTRATEGIA PARA POSIBLES APLICACIONES BIOTECNOLÓGICAS.

Ramírez I[1], Dorta F[1], Madrid A[2], Seeger, M.[1,3], Montenegro I[1,4], [1]Centro de Biotecnología Dr. Daniel Alkalay Lowitt Universidad Técnica Federico Santa María.[2]Departamento de Química, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha de Ciencias de La Educación.[3]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Facultad de Quimica, Universidad Técnica Federico Santa María.[4]Escuela de Obstetricia y Puericultura, Facultad de Medicina, Universidad de Valparaíso.

Vestia foetida es una planta endémica, perteneciente a la familia Solanaceae, que crece en matorrales húmedos, tanto en la Cordillera de la Costa como en la precordillera de los Andes, desde Valparaíso hasta Chiloé. A pesar de ser una planta tóxica para el ganado, en medicina popular se emplea para curar la disentería y la apendicitis. Su tallos y hojas, usados para teñir de amarillo, expelen un olor desagradable por la presencia de alcaloides del tipo beta-carbolina, derivados del triptofano. Estas características la hacen una especie interesante para la obtención de nuevos metabolitos secundarios. Sin embargo, sus estudios se encuentran limitados por la capacidad de propagar facilmente el material vegetal. Es una planta de lenta germinación, de la cual hasta la fecha sólo existe un estudio preliminar sobre su propagación *in vitro* a partir de semillas. El objetivo de nuestro trabajo fue desarrollar protocolos alternativos para la propagacion *in vitro* que permitan tener material de partida estandarizado para realizar estudios fitoquímicos. Se evaluaron diferentes protocolos de desinfección con captan, etanol e hipoclorito de sodio, de explantes consistentes en brotes jóvenes recolectados desde terreno en la quinta región. Para la propagación se probaron diferentes medios basados en Murashige and Skoog (MS) con variaciones en los agentes gelificantes, azúcares, hormonas y agentes antioxidantes. Aunque algunos de los explantes se contaminaron con hongos, las plantas pudieron ser exitosamente propagadas, enraizadas *in vitro* y traspasadas a tierra.

Los autores agradecen al Centro de Biotecnología Dr. Daniel Alkalay Lowitt y a la Dirección de Investigación de la Universidad de Valparaíso su apoyo para la realización de este trabajo.

PATRONES DE EVOLUCIÓN EN RASGOS FOLIARES ASOCIADOS A CONDICIONES CLIMÁTICAS EN LA FAMILIA *NOTHOFAGACEAE.*

Glade N[1,2], Hinojosa L F[1], [1]Ecología, Ciencias, Universidad De Chile.[2]Departamento de Ecología, Laboratorio de Paleoecología., Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La familia *Nothofagaceae*, compuesta actualmente por cuatro subgéneros, se distribuye en América del Sur, Australia, Nueva Zelanda, Papúa Nueva Guinea y Nueva Caledonia. Estas dos últimas son las distribuciones más tropicales de la familia. El registro fósil muestra que la distribución pasada de *Nothofagaceae*se extendía a todo el Gondwana, hace unos 80 Ma atrás, por lo que la actual distribución de la familia es el resultado de una interacción con cambios geológicos y climáticos, en un escenario de ruptura y deriva continental sucedida a lo largo del Cenozoico. En la actualidad, la familia presenta una amplia variación en sus rasgos fisiológicos foliares, variación que puede ser el resultado de su larga historia evolutiva. El presente estudio abordó este problema estudiando la variación morfológica de rasgos seleccionados en función de las relaciones filogenéticas al interior de la familia y su correspondencia climática.

De esta manera se realizaron mediciones de 20 rasgos foliares que se correlacionan funcional o fisiológicamente con el clima (área, perímetro, nº de dientes, entre otros). A partir de fotografías digitales, las cuales se preparaban previamente en Adobe® Photoshop 6.0 para ser analizadas con el programa Sigma Scan Pro 5.0, se evaluó la evolución de estos rasgos en conjunto con 19 variables bioclimáticas, utilizando la función PVR y PSR del paquete PVR de R (R development Core Team, 2008). El análisis compara la variación de los rasgos a lo largo de la filogenia contra un modelo de evolución Browniano o neutro, en donde la evolución de los rasgos se encuentra fuertemente relacionada a la filogenia. Mediante la Curva de Señal-Representación Filogenética descrita por Diniz-Filho *y col.* (2012), se puede observar si existen desviaciones a este modelo de evolución, los cuales podrían indicar una evolución alternativa al modelo Browniano, modelo de Ornstein-Uhlenbeck el que supone la presencia óptimos como resultado de la evolución del rasgo sometidos a selección estabilizadora o bien, un modelo nulo de evolución (modelo White Noise), en donde la evolución de los rasgos ocurre de manera independiente a la filogenia.

Fondecyt Nº1151389 y 1150690; IEB, PO5-002; PFB 23

COMPOSICIÓN FLORÍSTICA DE UNA SECCIÓN ESTRATIGRÁFICA DEL CUATERNARIO, ISLA GRANDE DE CHILOÉ

Londoño L[1], Villagrán C[2], Hinojosa L F[1], [1]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[2]Departamento de Biología Universidad de Chile.

Durante las últimas tres décadas, muchos estudios se han llevado a cabo para tener un mejor entendimiento de cómo los cambios climáticos durante los ciclos glaciales e interglaciares a lo largo de los últimos dos millones de años (Cuaternario), han sido los factores determinantes sobre las dinámicas de recambio y distribución de las especies de plantas y de la estructuración del paisaje. La información que se deriva del estudio de los conjuntos de plantas fósiles presentes en depósitos del Cuaternario, son un componente fundamental para el conocimiento de las condiciones paleoecológicas y de gran importancia para su utilización como indicadores en las reconstrucciones paleoambientales. Los datos que aquí se presentan, provienen del análisis preliminar de la composición florística de una sección estratigráfica de depósitos de 45 ka radiocarbónico, localizada en la Isla Grande de Chiloé, X Región, Mululco (42°51S). La sección posee 378 cm de grosor y está constituida por cinco horizontes turbosos y limos cuyos espesores varían desde 5 hasta 79 cm. Nuestro objetivo se fundamenta en la reconstrucción, conocimiento e interpretación de los grupos de plantas presentes, enmarcado desde un contexto paleoecológico que nos permita hacer inferencias acerca de las condiciones paleoclimáticas del lugar. La diversidad vegetal que caracteriza estos ecosistemas se encuentra principalmente representada por remanentes fósiles de semillas de los género *Carex* (Cyperaceae) y cf. *Drosera* (Droseraceae), esporangios de helechos (cf. Polypodiaceae) y hoja del género *Myrteola* (Myrtaceae). La composición de especies revela una predominancia de plantas típicamente de ambientes fangosos, húmedos y fríos, indicadoras de paisajes abiertos.

Fondecyt Nº1150690; IEB, PO5-002; PFB 23

MODIFICACIONES MORFOANATÓMICAS EN *GONDWANIA SUBLOBULATA* (TELOSCHISTACEAE, ASCOMYCOTA LIQUENIZADA) A LO LARGO DE UN GRADIENTE LATITUDINAL: VICARIANZA O ADAPTACIÓN

Michea C[1], Vargas Castillo R[1], Sabando Gómez M[2], [1]Herbario Federico Johow, Depto Biología, Ciencias Básicas, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación.[2]Laboratorio de Limnología, Depto Biología, Ciencias Básicas, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación.

Los factores que establecen la distribución geográfica de hongos liquenizados son poco determinados en la actualidad y se desconocen los efectos que tengan la dispersión y la vicarianza en las distribuciones actuales conocidas. En la Antártica, las zonas libres de hielo actúan como islas biogeográficas a baja escala y podrían determinar, a lo largo de gradientes latitudinales, modificaciones fenotípicas de representantes de diferentes grupos de líquenes. Para analizar estas potenciales variaciones morfológicas y anatómicas se consideró como modelo a la especie *Gondwania sublobulata* dada su amplia distribución en el continente antártico y zonas subantárticas aledañas. Los 103 ejemplares utilizados fueron colectados durante febrero del año 2014 de diferentes islas del Archipiélago de las Shetland del Sur, de los cuales se destacaron parámetros lineares referente a la morfología y anatomía generando un pequeño gradiente latitudinal. Los resultados preliminares indican que los individuos pertenecientes a distintas localidades varían significativamente en relación a la morfología y anatomía, a lo largo del gradiente latitudinal, con especial referencia a caracteres relacionados a las estructuras de reproducción sexual, presentándose la mayor diferencia entre las islas Decepción y Livingstone. Estas fenotípicas pueden ser indicativas tanto de procesos crípticos de especiación como de adaptación funcional a condiciones locales en cada isla.

Esta investigación ha sido financiada por el proyecto INACH RT_01-13.

APORTES AL CONOCIMIENTO DE LA BIOTA LIQUENOLÓGICA DEL MATORRAL Y BOSQUE ESCLERÓFILO: ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD DEL PARQUE PÚBLICO EL PANUL

López Peñaloza L[1], Díaz Marínez C[1], Vargas Castillo R[1], [1]Herbario Federico Johow, Depto Biología, Ciencias Básicas, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación.

La vegetación nativa de la zona central de Chile se considera como un foco de biodiversidad o “hotspot”. Sin embargo, el conocimiento de la biota liquenológica en esta área es escaso. El bosque y matorral esclerófilo han visto afectada su distribución debido a la intensa urbanización, al ser la zona más poblada del país, reduciendo la disponibilidad de ambientes donde esta formación vegetacional se encuentra de manera nativa o en buen estado. Con el fin de contribuir al estudio de la biota liquenológica de las formaciones de bosque y matorral esclerófilo, se estudió la diversidad presente en el parque El Panul, uno de los pocos reductos de esta formación en la cuenca de la ciudad de Santiago, ubicado en la precordillera de la comuna de La Florida, con altitudes que oscilan entre los 800 a los 1500 msnm. Nuestros resultados preliminares indican la presencia de 51 especies de líquenes en el área de estudio, pertenecientes a 27 géneros y 14 familias. Asimismo, se indica la presencia de 3 registros nuevos para la biota liquenológica chilena: *Caloplaca tucumanensis*, *Melanohalea olivacea* y *Aspicilia contorta*.

DIUMCE FGI EC 17-15

COMUNICACIONES LIBRES V

GENETICA DE POBLACIONES Y FILOGEOGRAFIA

EFECTO DE LAS GLACIACIONES DEL CUATERNARIO EN LA HISTORIA EVOLUTIVA DEL CARACOL ENDÉMICO DEL OCÉANO AUSTRAL *NEOBUCCINUM EATONI*

Díaz A[1,2], Poulin E[3,2], Mansilla A[4,2], [1]Departamento de Zoología, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[2]Instituto de Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[3]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[4]Instituto de la Patagonia, Facultad de Ciencias, Universidad de Magallanes.

El Océano Austral alberga a una particular macrofauna bentónica que se caracteriza por su alta diversidad y alto grado de endemismo, cuyo origen se establece desde el aislamiento que experimentó Antártica hace aproximadamente 30 Ma., junto con el posterior establecimiento de barreras alrededor del continente (Oceanográfica, Geográfica y Batimétrica). A partir de dicho aislamiento esta fauna presenta una historia evolutiva independiente altamente ligada a procesos climáticos severos como son los ciclos glaciales del cuaternario. Por lo tanto, es relevante tener una visión general del escenario biogeográfico histórico sobre cómo los ciclos glaciales pueden haber influenciado a la fauna marina bentónica del Océano Austral, especialmente en especies que no poseen un estado larval de vida libre y que sin embargo presentan una amplia distribución en esta área. En este sentido, el caracol *Neobuccinum eatoni* es un buen modelo de estudio ya que presenta una amplia distribución alrededor del continente Antártico y en el archipiélago de Kerguelen en la región Subantártica, presenta una importante euribatia y posee desarrollo directo. Análisis basados en el marcador COI, en muestras provenientes de la región Antártica y de la región Subantártica de Kerguelen, muestran un patrón de alta diversidad genética en ambas regiones con un patrón filogeográfico no muy claro, con estructura dentro de la región Antártica y una sutil diferenciación entre Provincias. Las señales de cambios demográficos pasados se ajustan a periodos previos y posteriores al último máximo glacial. El análisis bayesiano Skyline plot, plantea un escenario histórico donde ambas regiones divergen en la penúltima glaciación y, durante la última glaciación las poblaciones Subantárticas no se ven tan afectadas (señal de expansión), mientras que un escenario opuesto se observa para las poblaciones antárticas.

FONDECYT 3130677

INTERACCIONES Y PERIODICIDADES NUCLEOTÍDICAS NO-NEUTRALES ¿PRUEBA DE UN META-DISEÑO INTELIGENTE?

Valenzuela C[1], [1]Programa de Genética Humana, ICBM, Medicina, Universidad de Chile.

Hemos encontrado interacciones y periodicidades internucleotídicas no aleatorias con significaciones de desviación del azar, cuyas probabilidades alcanzan las decenas y centenas de miles de decimales antes de un número mayor que cero. Esto es imposible aún para fenómenos astronómicos. Nuestros resultados están mostrando que la construcción de cualquier genoma aún por el mecanismo de selección natural está indicando que tales procesos selectivos estaban ya incluidos y determinados en el Big-Bang; más aún en cualquier proceso cósmico que fuese eterno. Sewall Wright postuló que los caracteres taxonómicos con los que se hace filogenia y las taxa mismos son cumbres adaptativas y su variación correspondería a variaciones en el paisaje adaptativo de los taxa. Estas cumbres adaptativas son tan improbables, aceptando el azar como fondo evolutivo neutral, que caemos obligadamente en la direccionalidad de todo proceso evolutivo. Pero dirección dada por ¿Qué? ¿Quién? ¿Cómo?

Nota: diseño inteligente en castellano no tiene la connotación del inglés ya que diseño (como dibujo) o designio (como propósito dirigido) están separados, y por ende el problema evolutivo que plantea no se configura, pero en inglés design incluye ambos significados y con mayor pertinencia el de propósito.

FILOGEOGRAFÍA COMPARATIVA EN MOLUSCOS COSTEROS DEL PACIFICO SURESTE: RELEVANCIA DEL DESARROLLO LARVAL EN SU HISTORIA EVOLUTIVA

Pardo-Gandarillas C[1], Sanhueza V[2], Torres F[2], Méndez M[2], Ibáñez C[3], [1]Ciencias Ecológicas, Ciencias, Universidad de Chile.[2]Ciencias Ecologicas, Ciencias, Universidad de Chile.[3]Ecología y Biodiversidad, Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.

Las historias filogeográficas contrastantes en especies marinas co-distribuidas sugiere ser consecuencia de diferentes estrategias de historia de vida. Especies con larva planctotrófica y lecitotrófica han mostrado diferente estructuración genética, sugiriendo haber tenido una historia de evolución poblacional diferente. El objetivo es comparar los efectos del tipo de desarrollo larval en la historia evolutiva de moluscos co-distribuidos por la costa del Pacífico sureste. Análisis con un gen mitocondrial y nuclear, evidenciaron en la especie planctotrófica *Siphonaria lessoni* una alta diversidad genética y una compleja genealogía de haplotipos que contrastó con la baja diversidad y simple genealogía de las especies lecitotróficas *Chiton magnificus* y *Tegula atra*. Todas las especies mostraron aislamiento genético por distancia, diferenciándose en que las lecitotróficas mostraron mayor aislamiento genético a distancias más cortas. Además, todas mostraron dos poblaciones genéticamente georreferenciadas, diferenciándose en el punto de quiebre latitudinal. Las poblaciones de las tres especies experimentaron eventos de expansión demográfica. Sin embargo, *S. lessoni* mostró dos poblaciones más longevas con expansión demográfica hace 40.000 años. Mientras, *C. magnificus* y *T atra* mostraron poblaciones jóvenes con eventos de expansión posterior al último máximo glacial ~23000 años.

Fondecyt 3140610 y Fondecyt 1130266

CORRELACIONES SIGNIFICATIVAS ENTRE VARIABLES DE CALIDAD DE AGUA Y DE USO DE SUELO Y LOS NIVELES DE DIVERSIDAD GENÉTICA MITOCONDRIAL EN EL INSECTO ACUÁTICO *ANDESIOPS TORRENS* DENTRO DE UNA CUENCA AGRÍCOLA

Gouin N[1,4], Hereme R[2,3], Weideman C[4], Alvarez E[4], Espinoza M[5], Bertin A[1], [1]Departamento de Biología Universidad de La Serena.[2]Instituto de Ciencias Biológicas, Centre for Molecular Ecology and Evolutionary Applications in Agroecosystems, Universidad de Talca.[3] Programa Magíster en Ecología Aplicada Universidad de Talca.[4]Laboratorio de Ecología Molecular CEAZA.[5]Programa Doctorado en Biología y Ecología Aplicada Universidad de La Serena. (Sponsored by Florence Tellier)

Los ecosistemas dulceacuícolas son reconocidos por ser unos de los más amenazados por las presiones antropogénicas en el mundo. Por lo tanto es urgente evaluar los factores que afectan a los organismos acuáticos. El efecto de perturbaciones ecológicas, como poluciones, ha sido demostrado en especies acuáticas a nivel de diversidad y estructura genética poblacional. Dado la importancia de la actividad agrícola en los valles del centro norte de Chile, analizar los patrones de diversidad genética en especies sensibles a la calidad de su hábitat puede revelar informaciones críticas sobre el impacto potencial de esta actividad antropogénica sobre la biodiversidad acuática. En este estudio, hemos evaluado los niveles de diversidad genética del locus mitocondrial COI en 30 poblaciones del insecto acuático *Andesiops torrens* (Ephemeroptera) distribuidas en la cuenca del río Limarí, y analizado su correlación con variables físico-químicas del agua y de uso de suelo. Las variables de uso de suelo (área cultivada y urbana) fueron generadas a partir de un mapa SIG, considerando una superficie de 1000 x 2000 metros arriba de cada sitio de muestreo. Los resultados muestran que las poblaciones en cabecera tienden a tener más diversidad nucleotídica que las localizadas río abajo (r = 0.220, p > 0.05). El porcentaje de área frutícola cultivada aumenta significativamente en la porciones bajas de la cuenca (r = 0.709, p < 0.001), lo que también está correlacionado con los niveles de nitrato en el agua (r = 0.578, p < 0.001). Estos dos parámetros se encuentran inversamente correlacionados con los niveles de diversidad nucleotídica (área frutícola cultivada: r = -0.353, p = 0.056; nitratos: r = -0.367, p < 0.05), lo que indica que las poblaciones localizadas en la zonas con mas cultivos y más nitratos en el agua presentan menos diversidad genética. Dado que los parámetros de diversidad genética y área frutícola cultivada no se relacionan significativamente con otros parámetros de calidad de agua como el oxigeno disuelto y la temperatura, estos resultados sugieren un efecto potencial de la actividad agrícola sobre este organismo. Más análisis estadísticos están en progreso para confirmar esta tendencia.

Fondecyt 1150928

REDUCIDA ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL EN PINGüINOS BARBIJO (*PYGOSCELIS ANTARCTICUS*) ENTRE UNA ISLA SUBANTÁRTICA E ISLAS ANTÁRTICAS

Mura-Jornet I[1], González-Acuña D[2], Lowther A[3], Dantas G[4], Barbosa A[5], A. Vianna J[1], [1]Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile.[2]Departamento de Ciencias Pecuarias, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción.[3]Instituto Polar Noruego, Tromsø, Noruega.[4]PPG en Zoología de Vertebrados Pontificia Universidad Católica de Minas Gerais.[5]Departamento de Ecología Evolutiva Museo Nacional de Ciencias Naturales. (Sponsored by Juliana De Abreu Vianna)

Los pingüinos son un componente dominante de la biomasa de aves en el Océano Austral y se encuentran ampliamente distribuidos en todo el continente Antártico. Dentro de éstos, se encuentra el pingüino barbijo (*Pygoscelis antarcticus)*, especie adaptada a ambientes oceánicos libre de hielo y la única de género *Pygoscelis* que se encuentra catalogada como preocupación menor (LC) según la IUCN. Pese a esta clasificación, diversos estudios han reportado disminuciones significativas y constantes en las poblaciones de este pingüino, a causa de las variaciones ambientales producto del cambio climático. Por este motivo, es importante estudiar la diversidad y flujo génico de esta especie. Para esto, amplificamos 11 *loci* microsatélite en 238 muestras, en nueve localidades de las Islas Shetland del Sur, dos localidades en la Península Antártica y una localidad subantártica: Isla Bouvet. Nuestros resultados indican que hay altos niveles de diversidad (promedio heterocigosidad, H_O = 0,64) y baja o incluso nula estructura genética poblacional entre las colonias, lo que estaría indicando que esta especie es capaz de migrar largas distancias, de hasta ≈3600km. Los altos niveles de flujo génico podrían estar contribuyendo a mantener la alta diversidad de las poblaciones de pingüino barbijo que se encuentran en decline, aminorando los efectos del cambio climático sobre éstas.

INACH-T-27-10; INACH-G_06-11; INACH RT 12-14; FONDECYT N° 11110060 y 1150517; CONICYT-PCHA/ MagísterNacional/2016-22162312

ESTUDIO PILOTO DE LA FRECUENCIA DE LA VARIANTE C3435T DEL GEN MDR1 EN UNA POBLACIÓN ADULTA DE LA REGIÓN DE VALPARAÍSO

Gómez-Saavedra V[1], Guajardo-Cabello F[1], Moya Y[1], Weinstein-Oppenheimer C[1], Rodríguez A[1], [1]Grupo de Farmacogenética, Farmacia, Universidad de Valparaíso. (Sponsored by Caroline Ruth Weinstein Oppenheimer)

La glicoproteína P (P-gp) es un transportador de eflujo codificado por el gen MDR1. Está ubicada en las membranas celulares de diferentes tejidos, cumpliendo funciones de detoxificación de endo y xenobióticos. En intestino, P-gp disminuye la absorción de medicamentos, tales como antineoplásicos, inmunosupresores, antirretrovirales y glucocorticoides. Se ha observado que ciertos polimorfismos de MDR1 pudieran estar relacionados con alteraciones en la biodisponibilidad a drogas, entre ellos la variante C3435T. Este ha sido el único polimorfismo que se ha correlacionado con un fenotipo de menor expresión de P-gp, es por esto un polimorfismo de relevancia clínica. El objetivo del estudio fue evaluar la frecuencia genotípica y alélica del polimorfismo C3435T en una población adulta de la región de Valparaíso. Fueron evaluados 62 individuos adultos de ambos géneros. El ADN genómico fue extraído de leucocitos de sangre periférica mediante kit de extracción comercial. La genotipificación del polimorfismo C3435T fue realizada mediante técnica de PCR-RLFP. La frecuencia genotípica para C3435T fue CC=0%, CT=87,1% y TT=12,9%. La frecuencia del alelo mutado fue 0,56 versus 0,44 del alelo normal. Los resultados sugieren que esta población podría presentar un aumento de la absorción intestinal de medicamentos con mayor incidencia de reacciones adversas. Sin embargo, se requiere complementar estos estudios con análisis farmacocinéticos,, utilizando drogas sustrato de P-gp para correlacionar la presencia del alelo mutado con aspectos biofarmacéuticos y toxocológicos y así apuntar a una terapía personalizada. PMIUVA1315

PATRONES ESPACIALES DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN EL CAMARÓN DE VEGA *PARASTACUS PUGNAX* (PARASTACIDAE), UNA ESPECIE POCO VÁGIL Y DE HÁBITAT DISGREGADO.

Victoriano P[1], D´Elía G[2], [1]Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[2]Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Alta disgregación del hábitat, vagilidad limitada y antigüedad del taxón recurrentemente son asociados a altos niveles de diversificación interpoblacional. *Parastacus pugnax* es un camarón endémico dulceacuícola de Chile con gran importancia económica y cultural. Siendo un recurso altamente explotado, se desconoce sus arreglos filogeográficos que podrían constituir la base para programas de manejo y conservación. Considerando su dependencia de espacios altamente disgregados (hábitats de vegas), sumado a su escasa vagilidad, nosotros evaluamos la hipótesis de ocurrencia de alta diferenciación poblacional. Mediante un gen mitocondrial, estimamos los niveles de variabilidad genética, tanto dentro, como entre poblaciones, y los niveles de conectividad genética para poblaciones entre las regiones de O´Higgins y La Araucanía, abarcando la mayor parte de la distribución de la especie. Según análisis de estructuración y flujo génico histórico, detectamos altos niveles de variabilidad y reducida conectividad interpoblacional, con tendencia a monofilias recíprocas a escala de cuencas. Estimaciones bayesianas sugieren un alto número de poblaciones de distribución restringida. Los resultados son discutidos en términos de las probables causas históricas que explicarían el patrón recuperado y de los alcances en el contexto de la conservación de unidades evolutivamente significativas de *P. pugnax*.

FONDECYT 1161650. FONDECYT 1141055

EL ROL DE PROTECCIÓN DE LOS HONGOS ENDÓFITOS FOLIARES EN *EMBOTHRIUM COCCINEUM* (PROTEACEAE)

González-Teuber M[1], [1]Departamento de Biología Universidad de La Serena.

Los hongos endófitos colonizan los tejidos internos de la planta sin causarle un daño aparente, pudiendo jugar un rol importante en la protección de la planta hospedera contra herbívoros y patógenos. En el presente estudio se determinó la diversidad de los hongos endófitos foliares (HEF) asociados al árbol de los bosques templados del Sur de Chile *Embothrium coccineum* (Proteacea), así como también el rol de protección de los HEF contra patógenos. Se aisló los hongos endófitos de 40 hojas asintomáticas de *E. coccineum* mediante el método de cultivo para una siguiente identificación molecular del gen 18S rRNA. La relación entre la frecuencia de HEF (evaluada mediante PCR cuantitativa) y la protección de la planta fue además evaluada en juveniles de *E. coccineum*. Posteriormente, con el objetivo de evaluar el rol de protección de HEF contra la bacteria patógena *Pseudomonas syringae*, distintos honfos fueron inoculados en plántulas de *E. coccienum*. Un total de 178 cepas de hongos fueron obtenidas e identificadas, y datos moleculares mostraron un total de 34 unidades taxonómicas operacionales. Sólo unos poco taxa dominaron la comunidad endofítica, mientras que la mayoría fueron poco abundantes. Se encontró una correlación positiva y significativa entre el estado de protección de la planta (porcentaje de daño foliar) y la frecuencia de HEF en condiciones naturales. *In planta* los hongos endófitos inhibieron el crecimiento de *P. syringae*. Los resultados muestran una diversidad relativamente alta de HEF asociados a *E. coccineum,* y sugieren que los hongos endófitos foliares contribuirían significativamente a un mejor estado de protección de la planta hospedera. Fondecyt N° 11130030

COMUNICACIONES LIBRES VI

BIOLOGIA CELULAR

ROL DE KCTD5 DURANTE LA INFECCIÓN DE *HELICOBACTER PYLORI* EN CÉLULAS EPITELIALES GÁSTRICAS

Álvarez A[1], Canales J[1], Rivas J[1], Silva I[1], Canto N[1], Espinoza C[1], Uribe F[1], Cerda O[1], Toledo H[1], [1]Programa de Biología Celular y Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Durante el proceso de infección bacterias como *Escherichia coli, Salmonella sp, Shigella sp* y *Legionella sp* manipulan la vía de ubiquitinación para su colonización y persistencia en las células huésped. La ubiquitinación es una modificación post traduccional dinámica y versátil, que regula diversos procesos celulares en eucariotas como el ciclo celular, el tráfico de vesículas y la transducción de señales. No existen antecedentes que *Helicobacter pylori* induzca o altere la vía de ubiquitinación durante el proceso de infección a células epiteliales gástricas. Sin embargo, en nuestro laboratorio hemos demostrado que los niveles de las proteínas ubiquitinadas aumentan durante la infección y que la adhesión de *H. pylori* disminuye al inhibir farmacológicamente el proteosoma. En este trabajo, mostramos que los niveles de la proteína KCTD5 ("*Potassium Channel Tetramerization Domain Containing 5*") un adaptador putativo de Cullin 3, una E3 ubiquitina ligasa, disminuye durante la infección de *H. pylori*. Además evaluamos el rol de KCTD5 y Cullin 3 en la adhesión, encontrando que al sobrexpresar KCTD5 hay una disminución en la adhesión y al co-expresar Cullin 3 se logra una reversión del efecto en la adhesión. Por lo que la proteína KCTD5 tendría un rol protector en la célula huésped.

Financiado por el proyecto Fondecyt 1150384

ACCESIBILIDAD DE LA CROMATINA EN EL GEN *RUNX1* EN CÉLULAS MIELOIDES SE CORRELACIONA A DAÑO EN EL ADN POR TRATAMIENTO CON ETOPÓSIDO

Schnake N[1], Fernández P[1], Rivas F[1], Gutiérrez S[1], [1]Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

Los tratamientos anticancerígenos son conocidos por poseer efectos adversos. Un efecto adverso grave es el desarrollo de leucemia mieloide aguda secundaria, observado en un 2-10% de pacientes de cáncer tratados con inhibidores de topoisomerasa II. Estas drogas ejercen su acción en células cancerosas y normales, causando quiebres en la doble hebra del ADN (DSBs). No obstante, se desconoce por qué solo se genera leucemia como efecto secundario, y no otros tipos de cáncer. Una posibilidad es que las células hematopoyéticas normales posean características a nivel cromosomal que las hacen más susceptibles a DSBs en genes relevantes para la hematopoyesis, como el gen *RUNX1*, regulador maestro de este proceso. En ese sentido, se plantea como hipótesis que en células de tipo mieloide la cromatina es más accesible en el gen *RUNX1*. Para poner a prueba la hipótesis, se realizó un análisis de generación de DSBs por tratamiento con la droga etopósido en el gen *RUNX1* en células de tipo mieloide, en regiones que, a partir de datos bioinformáticos, se esperaba que la cromatina fuera más accesible. Los resultados obtenidos muestran que el tratamiento con etopósido genera daño en el gen *RUNX1* en células de tipo mieloide. En un contexto genómico global, si esta susceptibilidad a daño se presenta en otros genes, podría representar el origen de las aberraciones genómicas asociadas a leucemia mieloide aguda secundaria en pacientes.

FONDECYT 1130697

FOLATO PROMUEVE LA TRANSFORMACIÓN DE CÉLULAS HT-29 DE CÁNCER COLORECTAL A UN FENOTIPO DE CÉLULA TRONCAL MEDIANTE LA ACTIVACIÓN DE LA VÍA NOTCH-1

Rodríguez J M[1], Fuentes C[1], Sepúlveda-Quiñenao C[1], De La Maza M P[1], Bunuot D[1], Troncoso R[1,2], Hirsch S[1], [1]Laboratorio ECRAN, Instituto de Nutricion y Tecnologia de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile.[2]Advanced Center for Chronic Diseases (ACCDiS) Universidad de Chile.

Introducción: El año 2000se inició en Chile la fortificación de la harina con ácido fólico con el objetivo de disminuir problemas del cierre del tubo neural en recién nacidos. Estudios nuestros y de otros grupos han mostrado que 30% de la población tiene niveles suprafisiológicos de folato sérico. Resultados *in vivo* e *in vitro* muestran una fuerte asociación entre alta concentración de folato y riesgo de cáncer de colón. La activación de Notch-1 ha sido relacionado con la transformación epitelio-mesénquima (EMT) de las células cancerígenas y la adquisición del fenotipo de célula troncal cancerígena en distintos tumores. Nosotros demostramos previamente in vitro que el ácido fólico activa la vía de Notch-1 y aumenta la proliferación celular de líneas celulares de cáncer colorectal (HT29). **Hipótesis: El folato (**ácido Fólico o 5MTH) activa Notch-1que promueve la transformación a fenotipo de célula troncal aumentando la malignidad en células HT-29. **Materiales y Métodos:** Por medio de qPCR y Western blot se evaluó la expresión de marcadores de la vía Notch, EMT y fenotipo de célula troncal en presencia/ausencia de ácido fólico. **Resultados:** El ácido fólico aumenta la expresión de marcadores de célula troncal cancerígena y activa la vía Notch-1. Además, la inhibición de la vía de Notch-1 con DAPT, suprime los efectos del ácido fólico en los marcadores de célula troncal. **Conclusión:** El ácido fólico promueve el cambio a fenotipo de célula troncal cancerígena en células HT-29, mediante la activación Notch-1.

Financiado por FONDECYT 11130285 y FONDAP 15130011.

MIFEPRISTONA MEJORA LA SENSIBILIDAD DE INSULINA A TRAVÉS DE LA ACTIVACIÓN DE AMPK EN CÉLULAS L6 DE MÚSCULO ESQUELÉTICO.

Donoso C[1], Bernal-Sore I[1], Rodríguez J M[1], Navarro-Marquez M[2], Porras O[3], Troncoso R[1,2], [1]Laboratorio ECRAN, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile.[2]Advanced Center for Chronic Diseases (ACCDiS) Universidad de Chile.[3]Laboratorio Biología Celular, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile.

Introducción: Uno de los tratamientos aprobados para tratar la hiperglicemia en pacientes con síndrome de Cushing es el uso de la droga mifepristona. Sin embargo, el mecanismo de acción por el cual produce sus efectos sobre la homeostasis de la glucosa aún no esta claro. **Objetivo:** Determinar los efectos de mifepristona en el metabolismo mitocondrial y señalización de insulina en células L6 de músculo esquelético de rata. **Metodología:** Se estudió el efecto de mifepristona en la función mitocondrial y señalización de insulina en las células L6. Se evaluó el potencial mitocondrial, consumo de oxígeno, niveles de ROS y ATP. Para analizar el impacto de la mifepristona en la señalización de la insulina, se medió por immunoblotting pAkt, p70S6K y pAMPK. Se determinó la translocación de GLUT4 a la membrana plasmática y la captación del analogo de glucosa 2-NBDG. Para determinar la participación de AMPK sobre efectos de mifepristona en la señalización de insulina, se utilizó un ARN de interferencia para AMPK. **Resultados:** Mifepristona reduce el consumo de oxígeno, niveles de ROS y ATP, sin cambios en el potencial de membrana mitocondrial. Produce un incremento en pAkt y p70S6K en respuesta a la insulina. También, aumenta la translocación basal de GLUT4 a la membrana celular, aumenta la captación basal y estimulada por insulina de 2-NBDG. Por otra parte mifepristona activa a AMPK, proteína que es necesaria para la acción de mifepristona. **Conclusiones:** Estos resultados sugieren que mifepristona aumenta la sensibilidad a la insulina a través de la activación de AMPK.

Financiado por FONDECYT 11130285 y FONDAP 15130011

AUTOFAGIA EN TEJIDO MUSCULAR ESQUELÉTICO EN SUJETOS CON OBESIDAD VISCERAL

Aguilera N[1], Rodríguez J M[1], Sepúlveda-Quiñenao C[1], Donoso C[1], De La Maza M P[1], Troncoso R[1,2], [1]Laboratorio ECRAN, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile.[2]Advanced Center for Chronic Diseases (ACCDiS) Universidad de Chile.

Introducción: La acumulación de grasa en tejido omental, mesentérico y epiplón (órganos internos) se denomina grasa visceral (GV). El depósito de GV superior a 20% del total de grasa tiene consecuencias metabólicas, siendo un factor de riesgo para el desarrollo de enfermedades crónicas. Una posible consecuencia de la esta acumulación visceral es la desregularización de la autofagia muscular. La autofagia es un proceso catabólico que consiste en la degradación lisosomal de material propio como organelos dañados, proteínas oxidadas y/o mal plegadas, etc. Este trabajo desea evaluar si la grasa visceral modula los niveles de autofagia en el músculo esquelético. **Metodología:** Se utilizó un estudio de tipo transversal con dos grupos, el control con circunferencia de cintura 102 cm, ambos grupos fueron hombres entre 20 y 45 años, con IMC hasta 32 kg/mt^2. Se les hizo una biopsia de músculo esquelético. Se analizó la expresión de proteínas de autofagia LC3 y P62 a través de técnicas de RT-qPCR y Western Blot. El análisis estadístico se hizo mediante la correlación de Pearson (r) y Regresión lineal. **Resultado:** los sujetos con circunferencia de cintura >102 cm presentan una desregulación de los niveles de mRNA y proteicos de las proteínas de la vía autofágica en comparación con los sujetos con una con circunferencia < 102 cm. **Conclusión:** Este estudio muestra una asociación entre grasa visceral y niveles de autofagia, por lo que la acumulación de la grasa visceral está asociada a los niveles de expresión de proteínas de la maquinaria autofágica.

Financiado por FONDECYT 11130285 (RT), 1130284 (M.dM) y FONDAP 15130011.

TRYPANOSOMA CRUZI SOBRE EL OCÉANO: ISLAS COSTERAS DE CHILE ALBERGAN ESPECÍMENES INFECTADOS DEL GENERO _MEPRAIA_.

Rives N[1], Ortiz S[2], Torres Pérez F[3], Solari A[4], Campos Soto R[5], [1]Medicina Preventiva, Cs Veterinarias y pecuarias, Universidad de Chile.[2]Biología molecular, Facultad de medicina, Universidad de Chile.[3]Instituto de Biología Celular y Molecular, Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[4]Biología Molecular, Medicina, Universidad de Chile.[5]Biología Molecular, Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

La enfermedad de Chagas es una de las zoonosis mediadas por vectores más importantes de América, es producida por *Trypanosoma cruzi* un protozoo que infecta a hospederos mamíferos y es transmitido principalmente por hemípteros hematófagos de la subfamilia Triatominae. *Mepraia* es un género de la subfamilia endémico de Chile responsable de transmitir *T. cruzi* en el ciclo silvestre. Actualmente tres especies componen el género *Mepraia*: *M. gajardoi* que habita zonas costeras entre los paralelos 18°- 24°S, *M. parapatrica* que habita zonas costeras entre los 24°- 27°S y *M. spinolai* que habita zonas costeras y valles interiores entre los 26°- 34°S. Estudios previos han descrito la presencia de ejemplares del genero *Mepraia* en la Isla Pan de Azúcar asignables actualmente a *M. parapatrica*. Estudios de detección de *T. cruzi* en ejemplares de esta isla no reportaron infección sugiriendo que esto podría ser entre otras causas a que la alimentación de estos es escasa en mamíferos reservorios. Por otro lado se ha reportado que la mayoría de los insectos silvestres está en condiciones de hambruna situación que baja la probabilidad de detectar *T. cruzi*. Con el fin de detectar *T. cruzi* en insectos de zonas insulares y su contraparte continental. Se analizaron ejemplares de la Isla Pan de Azúcar y un nuevo registro en la Isla Santa María (Región de Antofagasta). Luego de una segunda alimentación de los insectos mediante PCR de heces se amplificó una región del kDNA de *T. cruzi* y se realizaron pruebas de hibridación para su genotipificación. Nuestros resultados demuestran la presencia de insectos infectados en todas las zonas estudias convirtiéndose este estudio en el primer reporte de Triatominos infectados en zonas insulares de Chile. Las interrogantes metodológicas y los posibles reservorios que estarían interactuando en este hábitat serán discutidas. **Financiamiento**: FONDECYT 3150289

SESION PANELES I

2) ROL ECOLÓGICO DE REBROTES DE RAÍZ DE DOS ESPECIES ARBÓREAS EN EL NICHO LUMÍNICO DE REGENERACIÓN DE UN BOSQUE SECUNDARIO TEMPLADO LLUVIOSO DE CHILE.

Escandón A B[1], Saldaña A[1], [1]Botánica, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

Una proporción significativa de especies vegetales combina la propagación sexual y clonal. El rebrote de raíz, como mecanismo de crecimiento clonal en árboles, ocurre en al menos 15 de 25 (60%) de las especies arbóreas del Bosque Siempreverde. A pesar de su importancia relativa, pocos estudios de ecología de poblaciones lo han incluido. Sólo un estudio con *Eucryphia cordifolia* (semi tolerante a la sombra) determinó que el rebrote extiende el nicho lumínico de regeneración hacia la luz. Se desconoce si se mantiene esta tendencia en otras especies. El estudio se desarrolló en un bosque secundario, ubicado al interior del Parque Nacional Puyehue (PNP 40º39' S, 72º11' W). Se registraron todos los individuos de especies arbóreas considerando una altura máxima de 150 cm en una parcela de 5x50 m^2. Se determinó su origen como rebrote o semilla. El ambiente lumínico se caracterizó usando fotografías hemisféricas. Las fotografías se procesaron con el software HemiView para obtener la disponibilidad de luz (GSF). La abundancia relativa de los rebrotes de *Embothrium coccineum* (sombra intolerante) y *Eucryphia cordifolia* fue el doble que los juveniles. Los rebrotes y juveniles de *E. coccineum* ocupan en promedio sitios de 0,13 y 0,163 GSF, respectivamente. Su distribución mostró un 25% de solape. Los rebrotes de *E. coccineum* extienden el nicho de regeneración hacia la sombra.

Beca Doctoral CONICYT n° 21140422, Dirección de Postgrado Universidad de Concepción.

4) EXPLORANDO LA TOLERANCIA A LA SEQUÍA EN POBLACIONES DE COSTA E INTERIOR DE *CISTANTHE LONGISCAPA* EN EL DESIERTO DE ATACAMA, CHILE

Toro M[1], Blanco F[1], Orellana A[1], Murúa M[2], Ossa P[1], [1]Ciencias Biológicas, Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello. [2]Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Chile.

El desierto de Atacama se caracteriza por su aridez y exposición a camanchaca. Dentro de ella, *Cistanthe longiscapa* es una de las especies más abundantes, ampliamente distribuidas y de floración más extensa. Además, se caracteriza por realizar tanto fotosíntesis C3 como CAM, en donde la asimilación de carbono es adquirida por las distintas vías dependiendo de las condiciones de aridez imperantes. Es esta investigación se evaluó la tolerancia a la sequía, en tres poblaciones de *C. longiscapa,* dos de interior y una de costa. Para ello, se caracterizaron sus rasgos ecofisiológicos, tales como la acumulación de ácidos orgánicos durante la noche y se cuantificaron los pigmentos fotosintéticos, isótopo $\partial^{13}C$ foliar, contenido de N y C foliar. Los resultados muestran que la acidez disminuye en interior, mientras que la concentración de pigmentos fue homogénea en interior respecto a costa. La determinación isotópica de carbono foliar indicó una actividad CAM facultativa durante la ontogenia foliar y el contenido de nitrógeno y carbono foliar disminuyó significativamente en Interior 3 en contraste a las demás poblaciones. De acuerdo a estos resultados es posible concluir que *C. longiscapa* responde al gradiente de aridez en relación al déficit hídrico, adecuando su estrategia fotosintética.

Financiamiento: Fondecyt N3150588, Fondecyt PD3150588

6) VARIACIÓN EN LA RESPUESTA DE LA FOTOSÍNTESIS A LA TEMPERATURA EN DOS ESPECIES INVASORAS DE LOS ANDES DE CHILE CENTRAL

Ortiz J[1,2], Cavieres L A[1,2], Hernadez-Fuentes C[2], [1]Botanica, Laboratorio de Ecobiosis, Ciencias Naturales y Oceanograficas, Universidad de Concepción.[2]Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

Las plantas ajustan la temperatura óptima para hacer fotosíntesis (T_{opt}) dependiendo de las condiciones climáticas a la cual crecen. En especies invasoras esta estrategia podría permitir el establecimiento en rangos altitudinales amplios. Hipotetizamos que en plantas invasoras de mayores altitudes, la T_{opt} será inferior que en plantas de menor altitud. Para comprobar esto utilizamos dos especies invasoras: *Tanacetum parthenium* y *Cynoglossum creticum*, provenientes de dos elevaciones de los Andes de Chile central (2400 y 2800 m). En terreno colectamos 40 plantas por especie y elevación, las cuales crecieron por un mes en cámaras de crecimiento a 11/5 °C (día/noche) y 600 PPFD. Posteriormente, realizamos curvas de respuesta de la fotosíntesis a la temperatura (4, 7, 11, 15, 20, 25, 30, 35 y 40°C). Se encontraron respuestas distintas en la T_{opt} para las especies estudiadas. En *T. parthenium* no hay un cambio significativo de la T_{opt} con la altitud (≈21°C). En cambio, en *C. creticum* la T_{opt} disminuye a mayor elevación (26°C a 2400 m y 22°C a 2800 m), lo cual podría facilitar el establecimiento de esta especie a mayores altitudes.

Agradecimientos a: FONDECYT 1130592, F ICM P05-02 y CONICYT PFB-023.

8) EFECTO DE COBRE SOLUBLE Y SAL EN LA SOBREVIVENCIA Y CRECIMIENTO DE INDIVIDUOS DE *ATRIPLEX HALIMUS* Y *A. NUMMULARIA*

Orrego F[1], Ginocchio R[1], [1]Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente , Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile.

La fitoestabilización se ha planteado como una estrategia ambiental y económicamente viable para la rehabilitación de zonas enriquecidas con metales en la zona centro-norte de Chile. Esta técnica se basa en el uso de especies tolerantes para colonizar e inmovilizar metales nocivos a nivel de sustrato. Sin embargo, el exceso de metales no es el único estresor presente en estos sistemas; la salinidad también puede jugar un rol fundamental en el desarrollo de especies en esa zona. En condiciones naturales, la presencia de un estresor genera una respuesta de estrés en la planta cuando logra 1) interactuar con ella y 2) superar sus mecanismos de tolerancia. Por ello, identificar la intensidad del estresor que causa una respuesta de estrés en la planta puede ayudar a comprender la relevancia individual de cada estresor y entregar pistas para enfrentar las fitoestabilización en su transición desde el laboratorio a los sistemas perturbados. Para lograr ese objetivo, en este trabajo se realizaron curvas de tolerancia al estrés metálico (Cu) y salino (NaCl) de dos arbustos candidatos para la fitoestabilización de zonas enriquecidas con metales en la zona centro-norte de Chile: *Atriplex* halimus (exótica) y *A. nummularia* (naturalizada). Plántulas de ambas especies fueron aclimatadas durante siete días bajo un sistema hidropónico, y posteriormente fueron sometidas estrés salino y métalico a través de la aplicación de $CuSO_4 x 5H_2O$ o NaCl. Después de siete días bajo la presencia de los estresores, se evaluó la sobrevivencia, elongación de raíz y vástago y la biomasa de ambas especies. Resultados preliminares indican que la sobrevivencia y los indicadores de crecimiento de ambas especies de *Atriplex* disminuyen gradualmente frente a concentraciones altas de ambos estresores; sin embargo, este descenso es más evidente ante el exceso de cobre que una alta salinidad. Esto indicaría que el cobre disponible en el suelo es factor limitante de mayor relevancia para la sobrevivencia y crecimiento de individuos en ambas especies de *Atriplex.*

- Beca de Doctorado Nacional 21141059 CONICYT
- Center of Applied Ecology & Sustainability (CAPES UC)

10) ¿EXISTE UNA LIMITACIÓN EN EL DESEMPEÑO FOTOSINTÉTICO DE ESPECIES INVASORAS A MAYORES ALTITUDES?

Hernández C[1], Ortiz J[2,1], Sanhueza A[2], Cavieres L[2,1], [1]Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).[2]Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

A pesar de las drásticas condiciones climáticas de los ambientes de alta-montaña, estudios recientes han reportado la presencia y propagación de especies de plantas invasoras en estos hábitats; fenómeno que puede aumentar con las tendencias actuales de cambio climático. Por esta razón es importante conocer el desempeño fisiológico de estas especies a altas altitudes. Dado el incremento de los factores de estrés abiótico con la altitud, hipotetizamos que las especies invasoras disminuirán su desempeño fotosintético a mayor altitud. Evaluamos la tasa fotosintética (Amáx) en cuatro especies invasoras de los Andes de Chile central a cuatro altitudes: *Cynoglussum creticum* y *Erodium cicutarium* (desde 2400 m hasta 2800 m), *Taraxacum officinale* (desde 2400 m hasta 3600 m) y *Tanacetum parthenium* (desde 2400 m hasta 2900 m). Encontramos que la respuesta de la fotosíntesis con la altitud es especie específica. *Cynoglussum creticum* disminuye su Amáx a mayor altitud. En *Erodium cicutarium* no se observan diferencias significativas en Amáx con la altitud. *Taraxacum officinale* muestra una baja en Amáx en sus extremos de distribución y *Tanacetum parthenium* mostró un incremento en Amáx con la altitud. La mayoría de las especies evaluadas logran mantener o incluso incrementar su tasa fotosintética a mayor altitud, por lo cual el avance de estas especies a mayores altitudes no estará limitado por el desempeño fisiológico.

FONDECYT-1130592, F-ICM P05-02 y CONICYT PFB-023

12) COMPROMISO Y VARIACIÓN DE RASGOS FUNCIONALES ASOCIADOS AL TRANSPORTE DE AGUA: UNA PERSPECTIVA FUNCIONAL DE LA DISTRIBUCIÓN LATITUDINAL ACTUAL DE DOS ESPECIES DE *NOTHOFAGUS* CON HÁBITO FOLIAR CONTRASTANTE EN LOS ANDES DE CHILE.

Carrasco-Urra F[1], Saldaña A[1], [1]Departamento de Botánica, Laboratorio de Ecología Funcional (Eco Funcional), Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

Aún no hay un completo entendimiento de la distribución de especies que difieren en el hábito foliar y que estén filogenéticamente emparentadas en gradientes climáticos determinados. Menos claro es como la variación y relación entre rasgos funcionales asociados al transporte de agua influyen en la distribución de éstas. A lo largo del gradiente geográfico-climático de los Andes de Chile se distribuyen especies de *Nothofagus,* las cuales difieren en sus rangos de extensión latitudinal como en sus hábitos foliares. Destacan por sus amplios rangos de extensión la siempreverde *N.dombeyi* y la decidua *N.pumilio*, que si bien ambas forman bosques mixtos y co-ocurren en ciertos sitios, *N.dombeyi* es la especie con menor extensión en los Andes. El objetivo de este estudio fue evaluar desde una perspectiva funcional los patrones a los que subyacen las diferencias en distribución latitudinal de ambas especies. Evaluamos la variación del LMA(masa foliar por área), WD(densidad de la madera), K_S(conductividad hidráulica específica de xilema), K_L(conductividad hidráulica foliar) y H_V(valor de Huber) como también el posible compromiso entre la seguridad *versus* eficiencia (WD-K_L) en el transporte del agua entre ambos *Nothofagus* a lo largo del gradiente. Muestreamos 25-30 individuos entre 30-45 cm de diámetro fustal por especie en sitios cercanos a los límites norte y sur como en un sitio intermedio de la distribución natural para cada especie (35°-53°S). Los resultados mostraron que sólo *N. dombeyi* tuvo una relación negativa y significativa entre WD-K_L(r= -0.45, p <0.001). *N.pumilio* tuvo valores promedio significativamente mayores de H_V y K_L, y menores de LMA en comparación con *N.dombeyi*. Se concluye que el compromiso en el transporte de agua y las diferencias en rasgos funcionales son relevantes para entender tanto la estrategia ecológica de ambas especies que difieren en hábito foliar, como las diferencias en distribución de ambos *Nothofagus* a lo largo de los Andes de Chile.

Beca CONICYT-Doctoral, Beca Asignación Fondos-Doctoral-CONICYT, FONDECYT-1140455

14) TEMPORAL VARIATION IN THE FEEEDING ECOLOGY OF THE BLACK-FACED IBIS (*THERISTICUS MELANOPIS*) IN PASTURES OF SOUTHERN CHILE

Gantz A[1], Sade S[2], Yañez M[3], Rau J R[2], [1]Departamento de Ciencias Biológicas y Biodiversidad, Universidad de Los Lagos.[2]Ciencias Biológicas y Biodiversidad, Universidad de Los Lagos.[3]Departamento de Estadística, Universidad del Bío-Bío.

Las variaciones temporales en la disponibilidad de alimento generan cambios en las estrategias alimentarias y preferencias tróficas en los animales. Entre Mayo 1999 y Enero 2000 evaluamos la variación temporal del comportamiento alimentario, la composición dietaria y disponibilidad de presas para la Bandurria (*Theristicus melanopis*) en praderas agrícolas del sur de Chile. Muestras de suelo mostraron que los invertebrados hipógeos tales como las lombrices de tierra (*Lumbricus* spp), el Gusano cortador (*Agrotis* spp.), la Cuncunilla negra (*Dalaca* spp.) y el Pololo verde (*Hylamorpha elegans*) fueron las presas más abundantes en las praderas y sus poblaciones experimentaron marcadas variaciones durante el período de estudio. Las larvas de insectos fueron los principales constituyentes de la dieta de la Bandurria y consumidas en mayor proporción que lo esperado por azar. La composición de la dieta (análisis fecales) y las preferencias tróficas coincidieron con la variación en la disponibilidad de estas presas. Durante períodos con una reducida abundancia de presas, las bandurrias consumieron mayor número de presas diferentes y se redujo la tasa de consumo. Al mismo tiempo, la abundancia de bandurrias disminuyó en el área de estudio. Estas variaciones fueron más evidentes a fines de la primavera y el verano, cuando la abundancia de presas en las praderas es menor que en las otras estaciones. Nuestros resultados sugieren que los ciclos de vida de las presas constituyen el principal factor causal que influye en la ecología trófica de la Bandurria en praderas agrícolas del sur de Chile.

Dirección de Investigación de la Universidad de Los Lagos, Osorno

16) POTENCIAL HIDROCORÍA DE LA ESPECIE INVASORA *ACACIA DEALBATA* (LINK, 1822) EN CHILE

Zamorano D[1], Vila I[2], Meier C I[3], [1]Ecología, Ciencias, Universidad de Chile.[2]Ecología, Ciencas, Universidad de Chile.[3]Civil Engineering University of Memphis.

Acacia dealbata es una especie originaria de Australia que ha sido declarada invasora en Chile y otras partes del mundo. Se ha documentado su alta presencia en riberas fluviales de los sitios invadidos, por lo que es válido cuestionarse si sus semillas son dispersadas por ríos, hecho que no ha sido registrado previamente.

Para evaluar si sus semillas cuentan con adaptaciones para la hidrocoría, se realizó un experimento en laboratorio en que las semillas de *Acacia dealbata* de tres poblaciones ribereñas, fueron sumergidas en agua mientras se movían durante 15, 35 y 55 días, escarificadas y sin escarificar, para luego evaluar su probabilidad de germinación en el agua en movimiento, en agua sin movimiento, y posterior al agua en movimiento al ser puestas sobre vermiculita.

Los resultados indican que las semillas escarificadas germinan estando en el agua en movimiento, lo que podría ser perjudicial para su viabilidad si se encontrasen en un río. Por otro lado, las semillas sin escarificar solo germinan fuera del agua, sobre vermiculita y luego de ser escarificadas, siendo mayor su probabilidad de germinación luego de estar 55 días en agua. Estos resultados sugieren que *Acacia dealbata* si podría dispersar sus semillas por ríos, sin embargo su germinación seguiría dependiendo de su escarificación y del tiempo en el agua.

18) DIFERENCIACIÓN MORFOLÓGICA Y EN EL NÚMERO DE JUVENILES ENTRE POBLACIONES DEL CARACOL INVASOR *POTAMOPYRGUS ANTIPODARUM* DEL NORTE Y CENTRO DE CHILE

Muñoz I[1], Collado G A[2], [1]Ciencias Básicas, Ciencias, Universidad del Bío-Bío.[2]Ciencias Básicas, Ciencias, Universidad del Bío-Bío.

El caracol de agua dulce *Potamopyrgus antipodarum* (Gray, 1843), originario de Nueva Zelanda, ha sido identificado en varias localidades del norte y centro de Chile. La especie es partenogenética y ovovivípara. En este estudio se investiga la variación en la morfología de la concha y en el número de juveniles producidos comparando diferentes ecosistemas. La morfología fue estudiada mediante análisis univariado y multivariado de cinco variables lineales de la concha y a través de morfología geométrica de landmarks. El número de juveniles fue estimado mediante conteo visual después de realizar disecciones de las bolsas de crianza utilizando microscopio estereoscópico. Las comparaciones fueron evaluadas mediante la prueba de Kruskal-Wallis. También se evaluó la correlación entre la longitud de la concha y el número de juveniles mediante el coeficiente de correlación de Spearman. Solo se encontraron diferencias significativas entre poblaciones de *P. antipodarum* considerando las variables de la concha y el número de juveniles en algunas localidades. Además, solo en una localidad la correlación entre la longitud de la concha y el número de juveniles resultó significativa.

Financiamiento: DIUBB 153309 2/R, Fondecyt 11130697.

20) CONTRANSTANTES MIGRACIONES VERTICALES DIURNO-NOCTUNA DE *SERGESTES ARCTICUS* Y *MUNIDA SUBRUGOSA* EN EL FIORDO DE RELONCAVÍ.

González-Saldías F[1,2], Castro L[2,1], [1]Oceanografía, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[2]PFB 31 COPAS SUR AUSTRAL Universidad de Concepción. (Sponsored by Pedro Francisco Victoriano Sepúlveda)

La migración vertical diurno-nocturna de organismos plantónicos es un proceso que se desarrolla en diversos grupos taxonómicos y que otorga ventajas adaptativas a los organismos que las desarrollan. El patrón normal de las migraciones es un ascenso nocturno y descenso diurno, existiendo escasos reportes de migraciones inversas (descenso nocturno). El objetivo de este estudio fue determinar la ocurrían migraciones verticales diurno–nocturnos en *Sergestes arcticus* y *Munida subrugosa* en el Fiordo de Reloncaví. Se analizaron muestras de plancton colectadas en el crucero CIMAR 17 Fiordos en primavera 2011 desde cuatro estratos de profundidad (0-25, 25-50, 50-75 y 75-100 metros), durante un ciclo diario con una frecuencia de 3 horas. Para determinar la distribución vertical día/noche se utilizó la abundancia a cada estrato y la profundidad de los centroides. Ambas especies desarrollaron migración vertical diurno nocturna pero de distinta extensión espacial y con diferente sentido. *S. arcticus* presentó un patrón de migración normal: en el día se encontró preferentemente alrededor de 80 metros ascendiendo hasta 20 metros a media noche. *M. subrugosa* presentó una migración vertical inversa: alrededor de los 20 metros en el día y a 40 metros durante la noche. Una correlación entre los centroides y las variables ambientales físicas con ambas especies mostró una alta correlación con casi todas las variables ($r>0,70$, $P<0,05$) por lo que se concluye que las diferencias en migraciones (extensión, sentido) no se relacionan con las condiciones ambientales analizadas sino que son serían procesos conductuales especie específicos modulados por factores ontogenéticos.

PFB 31 COPAS SUR AUSTRAL

22) ESTUDIO MORFOLÓGICO EN POBLACIONES DE CARACOLES DEL GÉNERO *HELEOBIA* AL INTERIOR DEL SALAR DE CARCOTE, ALTIPLANO CHILENO

González M[1], Suárez C[2], Collado G A[2], [1]Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío, Chillán, Chile.[2]Ciencias Básicas, Ciencias, Universidad del Bío-bío. (Sponsored by Gonzalo A. Collado)

El salar de Carcote en el Altiplano chileno contiene poblaciones de caracoles de agua dulce del género *Heleobia* Stimpson, 1865 en diferentes vertientes del sistema. Para la Vertiente 1 se ha descrito la especie *Heleobia carcotensis*. En este estudio se comparan caracoles de ocho vertientes y un pozón a nivel de 1) morfología multivariada de la concha, 2) morfología geométrica de landmarks y 3) morfología peneana. El análisis multivariado encontró consistentemente diferencias significativas entre dos grupos, uno formado por las muestras del pozón y las vertientes V7, V8 y V9 y otro formado por las vertientes V1 a V6, con excepción de la vertiente V5, excluida del análisis por el bajo número de especímenes. Estos resultados fueron corroborados, en parte, por el análisis morfológico de landmarks. Por otro lado, mientras en algunas poblaciones la morfología peneana resultó similar a la descrita para *H. carcotensis*, en otras la alta variabilidad del carácter no permitió asociarla consistentemente al patrón morfológico que presenta esta especie. El estudio también contempla evaluar la variabilidad genética entre vertientes del salar.

Financiamiento: Proyecto Fondecyt 11130697.

24) VARIACIÓN DE RASGOS INDIVIDUALES Y POBLACIONALES DE *ESCHSCHOLZIA CALIFORNICA* EN UN GRADIENTE AMBIENTAL EN SU REGIÓN NATIVA Y DOS REGIONES INVADIDAS

Contreras S[1,2], Bustamante R[1,2], Peña F[1,2], [1]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[2]Laboratorio Invasiones Biológicas Instituto Ecología y Biodiversidad.

Siendo el proceso de invasión un fenómeno global, la comparación de las respuestas ecológicas y genéticas de las especies exóticas en sus rasgos nativos e invadidos entregan luces acerca de la capacidad que tiene las especies de cambiar, enfrentadas a nuevos ambientes. Evaluar las respuestas altitudinales de las especies en rasgos nativos e invadidos nos pueden informar de cuán invasibles son los ecosistemas de montañas y cuánta resistencia impone este gradiente a la invasión. En este trabajo se evalúa cómo responde *E. californica* ante un gradiente térmico, analizando la variación de su tamaño, densidad poblacional y número de flores entre regiones invadidas (Nueva Zelanda y Chile) y nativa (California, EE.UU.). En California, el tamaño de la planta y el número de flores aumentan a temperaturas menores, en tanto la densidad poblacional permanece invariante. En Chile, tanto el tamaño de la planta como el número de flores tiende a disminuir a temperaturas más bajas, en tanto la densidad poblacional permanece invariante. En Nueva Zelanda el tamaño de la planta y el número de flores aumentan a temperaturas menores, en tanto la densidad poblacional disminuye. En Chile, las plantas tienen una respuesta fisiológica esperada, disminuyendo su desempeño a temperaturas menores, sin embargo tanto en California como en Nueva Zelanda, sigue una respuesta contraria. Es posible que la vegetación asociada a cada temperatura juegue un rol en el desempeño final de la planta. Agradecimiento: Proyecto FONDECYT 1140009

Proyecto FONDECYT 1140009

26) EFECTO DEL PARASITISMO SOBRE LA RAZÓN DE SEXO DE UN INSECTO HOSPEDERO: EVIDENCIA EXPERIMENTAL Y DE CAMPO

Botto-Mahan C[1], Sandoval-Rodríguez A[1], Yáñez-Meza A[1], Quiroga N[1], [1]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Los parásitos pueden causar razones sexuales sesgadas en las poblaciones de hospederos. El mecanismo involucrado se basa en la idea que la mortalidad inducida por parásitos está sesgada hacia el sexo más vulnerable, lo que podría resultar en una modificación de la razón de sexos en la población. En este estudio evaluamos, bajo condiciones de laboratorio y campo, si el protozoo *Trypanosoma cruzi* afecta la razón de sexo del insecto hematófago *Mepraia spinolai* (hospedero) presente en zonas semiáridas-mediterráneas de Chile. En laboratorio se crecieron dos cohortes de *M. spinolai*, una infectada con *T. cruzi* y otra cohorte control no infectada, y al alcanzar la adultez se estimó la razón de sexo de cada cohorte. En terreno, se evaluó la asociación entre la prevalencia de *T. cruzi* en poblaciones silvestres de *M. spinolai*en un contexto regional, cuantificando los niveles de infección y el número de machos y hembras adultos y en estadio ninfal V. Los resultados muestran que bajo condiciones de laboratorio *T. cruzi* provoca mortalidad sesgada hacia machos, lo cual impacta sobre la razón de sexo en adultos (macho:hembra = 1:1.8 en control y 1:3.4 cohorte experimental; $P = 0.015$). Resultados preliminares de terreno en 9 de 21 poblaciones revelaron una tendencia positiva no significativa, en que poblaciones con mayores prevalencias de *T. cruzi* tienden a poseer un mayor número de hembras en estadío V en la población. Integrar datos de laboratorio y evidencia de campo permite alcanzar una descripción y entendimiento más completo del efecto de la mortalidad mediada por parásitos y su efecto sobre la razón de sexo en hospederos.

FONDECYT 1140521

28) EXTENSA DISTRIBUCIÓN DE CEPAS PSICROTOLERANTES DE *STENOTROPHOMONAS RHIZOPHILA* EN LA FLORA SILVESTRE DE LA ZONA CENTRO-SUR DE CHILE

Vega-Celedon P[1], Seeger M[1], [1]Química, Química, Universidad Tecnica Federico Santa Maria.

La exposición a bajas temperaturas es uno de los factores abióticos más significativos que afecta la distribución, el crecimiento, el desarrollo y la productividad de diversas plantas. Microorganismos adaptados al frío como las bacterias psicrotolerantes podrían modular la respuesta provocada por el estrés por frío, protegiendo y promoviendo el crecimiento vegetal, contribuyendo de esta manera en la mejora de la producción de cultivos agrícolas. Diez plantas silvestres de las regiones de Valparaíso, O´Higgins, Bíobío y Magallanes y Antártica Chilena, se muestrearon para el aislamiento de cepas psicrotolerantes. Se analizó la sobrevivencia bacteriana (% SB), para determinar el potencial psicrotolerante de 138 cepas aisladas desde rizósfera y filósfera, mediante la exposición de las células a temperaturas bajo cero. Se seleccionaron e identificaron 77 cepas que presentaron ≥33 % SB. 17 aislados de las 4 zonas se identificaron como *Stenotrophomonas* sp., estrechamente relacionadas con la especie *Stenotrophomonas rhizophila*. Se destaca la amplia distribución de estas cepas bacterianas en Chile, que están presentes en filósfera y rizósfera. Estos aislados son potenciales candidatos para su aplicación en cultivos agrícolas sometidos a heladas.

Beca de Doctorado Conicyt (PVC), proyectos FONDECYT (1151174 & 1110992) (MS), USM (131562 & 131342) (MS).

30) LAS RAÍCES PROTEOIDEAS DE *EMBOTHRIUM COCCINEUM* (PROTEACEAE) DAN FORMA A LA ESTRUCTURA METABÓLICA DE LAS COMUNIDADES BACTERIANAS DEL SUELO

Renderos L[1], Zúñiga-Feest A[2,3], Delgado M[2,3], Carú M[1], Orlando J[1], [1]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[2]Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.[3]Centro de Investigaciones en Suelos Volcánicos, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Las raíces proteoideas (RP) son modificaciones del sistema radicular que presentan algunas plantas como estrategia para incrementar la incorporación de nutrientes que se encuentran en baja disponibilidad en el suelo, a través de la exudación de ácidos orgánicos y protones que alteran la química del suelo y pueden a su vez estructurar la microbiota rizosférica. Una de las especies que forma RP es *Embothrium coccineum* (Notro), la cual es endémica de Sudamérica, encontrándose desde bosques lluviosos hasta bosques sub-antárticos. Recientemente se ha comprobado una mayor actividad microbiana asociada a la rizósfera de las RP en comparación a suelos no rizosféricos; sin embargo, no se conoce si la actividad de estas raíces podría modificar la diversidad metabólica de la comunidad microbiana en el suelo. En este trabajo se comparó la estructura metabólica de las comunidades bacterianas en el suelo rizosférico y no-rizosférico, y las asociadas a diferentes partes del sistema radicular de *E. coccineum* (i.e. RP juveniles, maduras, semi-senescentes, senescentes y raíces no-proteoideas). Asimismo, a partir de las muestras del suelo rizosférico y no rizosférico, se determinaron los siguientes parámetros edáficos: contenido hídrico, materia orgánica, pH de extracto de suelo en agua, nitrógeno del amonio, nitrógeno del nitrato, fósforo Olsen y capacidad de intercambio de cationes efectiva (cationes: Calcio, Magnesio, Potasio, Sodio, Aluminio). Se observó que en el suelo rizosférico todos los parámetros medidos fueron más altos, detectándose diferencias significativas en el nitrato, el potasio y el aluminio; sin embargo el pH fue significativamente más ácido en el suelo rizosférico. Por otra parte, las comunidades bacterianas en el suelo rizosférico tuvieron una mayor actividad metabólica, difiriendo de las que estaban en el suelo no-rizosférico, y siendo influida esta diferencia por el pH, el nitrato y el aluminio. Al incluir en el análisis los diferentes estadíos de desarrollo de las RP, se encontraron diferencias significativas de su metabolismo únicamente en los estadios senescentes, los cuales se ha reportado previamente que ya no exudan ácidos orgánicos.

FONDECYT 1130440

32) DESCRIPCIÓN DE LA OVOGÉNESIS EN TRES ESPECIES DEL GÉNERO *CHITON* DEL NORTE DE CHILE

Brito M J[1,2], Ibáñez C M[3,4], Camus P A[5], [1]Programa de Magister en Ecología Marina, Facultad de Ciencias, Universidad Católica de La Santísima Concepción.[2]Programa Magister en Ecología Marina, Facultad de Ciencias, Universidad Católica de La Santísima Concepción.[3]Departamento de Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.[4]Departamento de Ecología y Biodiversidad Universidad Andrés Bello.[5]Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias, Universidad Católica de La Santísima Concepción. (Sponsored by Ibáñez Christian)

Los poliplacóforos de zonas templadas tienen un ciclo reproductivo relacionado a la estacionalidad, sin embargo, no existe información del género *Chiton* para Chile. Por tal motivo, este trabajo tiene como objetivo describir el ciclo reproductivo de *Chiton cumingsii* Frembly, 1827, *Chiton granosus* Frembly, 1827 y *Chiton magnificus* Deshayes, 1827 en Coquimbo, Chile. Se recolectaron estacionalmente 154 individuos pertenecientes a las tres especies, durante dos años y medio, desde invierno 2014 a otoño 2016. Se realizaron cortes histológicos de los 154 quitones, los cuales se observaron en un microscopio óptico para describir los estados de los ovocitos. Para las tres especies de *Chiton* la ovogénesis es similar, iniciando en el epitelio germinal, dando origen a las ovogonias, las cuales continúan su desarrollo para convertirse en ovocitos previtelogénicos que son de menor tamaño y completamente basófilos, además están rodeados de células foliculares, luego pasan a ser acidófilos y se los denominan ovocitos vitelogénicos inmaduros, que por el aumento del citoplasma ensanchan las prolongaciones que lo rodean deformando las células foliculares y finalmente pasan a ser ovocitos vitelogénicos maduros, completamente acidófilos y el crecimiento de las prolongaciones citoplasmáticas definirá el casco del ovocito (egg-hull). La información obtenida de este estudio es importante para futuros trabajos relacionados con la biología reproductiva de poliplacóforos.

34) ¿CAMBIA CON LA COBERTURA ARBÓREA LA DIVERSIDAD DE BACTERIAS ASOCIADAS A LÍQUENES *PELTIGERA* EN EL VALLE DEL RÍO LEONES (REGIÓN DE AYSÉN)?

Aranda M C[1], Carú M[1], Orlando J[1], [1]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La asociación liquénica tradicionalmente se define como conformada por un hongo y un organismo fotosintético (alga y/o cianobacteria), sin embargo, recientemente se han encontrado nuevos componentes simbióticos formando una biopelícula sobre el talo liquénico, los cuales constituyen una comunidad bacteriana altamente estructurada. Diversos estudios indican que esta comunidad está compuesta principalmente por Alfaproteobacterias y cumplen funciones particulares como fijación de nitrógeno, reciclaje de nutrientes, producción de compuestos alelopáticos, entre otras. Sin embargo, no se conocen con claridad los factores que determinan la estructura de esta comunidad, la cual se diferencia de la comunidad que se encuentra en el sustrato sobre el que crece el liquen. En este trabajo nos propusimos determinar si el contexto ambiental, determinado por la presencia o ausencia de cobertura arbórea, influye sobre la diversidad de la comunidad bacteriana asociada a cianolíquenes terrícolas del género *Peltigera.* En un trabajo previo determinamos una mayor diversidad de estos líquenes en un renoval de *Nothofagus antarctica* (ñirre), detectando 7 filotipos de micobionte, en comparación a un sitio sin cobertura arbórea y predominantemente arenoso en el cual solo encontramos 2 filotipos. Por lo tanto, nuestra hipótesis es que la comunidad bacteriana asociada a estos líquenes se verá igualmente afectada, pero proponemos determinar si esto se debe a la cobertura arbórea o a la identidad de los líquenes presentes en cada contexto ambiental. Para esto determinamos la diversidad de las comunidades bacterianas mediante el análisis del rRNA 16S resuelto por TRFLP (polimorfismo en el largo de los fragmentos de restricción terminal, por sus siglas en inglés). Mediante la realización de análisis multivariados de los perfiles de TRFLP encontramos que las comunidades bacterianas asociadas directamente con el talo liquénico se diferencian de aquellas presentes en el sustrato donde éstos crecen, y que el factor que afecta en mayor medida a la estructuración de estas comunidades corresponde a la presencia o ausencia de cobertura arbórea por sobre la identidad de los componentes simbióticos.

PAIFAC (Facultad de Ciencias, Universidad de Chile).

36) DIVERSIDAD DE BACTERIAS FIJADORAS DE NITRÓGENO EN EL MICROBIOMA DE CIANOLÍQUENES DEL GÉNERO *PELTIGERA* Y CLOROLÍQUENES DEL GÉNERO *CLADONIA*

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

Clásicamente los líquenes se definen como asociaciones simbióticas mutualistas entre un hongo (micobionte) y un organismo fotosintético (fotobionte), el cual es un alga verde (clorobionte) y/o una cianobacteria (cianobionte), esta última con capacidad para fijar nitrógeno. Recientemente se ha descrito que los miembros bacterianos que se encuentran asociados al liquen, podrían aportar con nuevas funciones a esta interacción simbiótica. En este trabajo se planteó como hipótesis que la microbiota asociada a clorolíquenes presenta una mayor diversidad de bacterias fijadoras de nitrógeno (diazótrofas), comparada con la de cianolíquenes. Para evaluar esto, se comparó la estructura genética de las bacterias diazótrofas asociadas al talo de líquenes bipartitos del género *Peltigera* (cianoliquen) y del género *Cladonia* (cloroliquen), y de aquellas bacterias presentes en el suelo donde ellos crecen. Las muestras de líquenes (25 individuos de cada género) y los suelos donde ellos crecen (n=50) se recolectaron en un bosque de *Nothofagus pumilio*(lenga) situado en la Reserva Nacional Coyhaique (Región de Aysén). Mediante la identificación molecular de los líquenes recolectados, se encontraron 6 filotipos de *Peltigera* y 11 de *Cladonia*. Por otro lado, la diversidad genética de las bacterias diazótrofas se determinó mediante perfiles de TRFLP (polimorfismo en el largo de los fragmentos de restricción terminal, por sus siglas en inglés) usando como marcador molecular el gen *nif*H, el cual codifica para la enzima nitrogenasa. Mediante análisis multivariados (NMDS, ANOSIM y SIMPER) de estos perfiles, los ensambles de bacterias fijadoras de nitrógeno presentes en los talos de ambos tipos de líquenes se distinguieron de aquellos presentes en la microbiota del suelo donde ellos crecen (disimilitud 82,3%; $p<0,0001$). Asimismo, la estructura de las bacterias diazótrofas presentes en el talo de los cianolíquenes fue distinta a la de los clorolíquenes (disimilitud 90,2%; $p<0,0001$). Finalmente, mediante el cálculo de la diversidad de este gremio bacteriano (índice de Shannon), confirmamos nuestra propuesta de que las bacterias fijadoras de nitrógeno asociadas a los talos de los clorolíquenes presentan una mayor diversidad que aquellas asociadas a los talos de los cianolíquenes ($p<0,05$).

PAIFAC (Facultad de Ciencias, Universidad de Chile).

38) *MAIHUENIOPSIS CAMACHOI* COMO ESPECIE FACILITADORA EN COMUNIDADES VEGETALES ALTIPLÁNICAS

Díaz F P[1,3,5,2], Carrasco-Puga G[1,2,3], Gutiérrez R[1,3], Cavieres L[4,5], Latorre C[5,2], [1]Genética Molecular y Microbiología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.[2]Ecología, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.[3]CRG and Millennium Nucleus Center for Plant Systems and Synthetic Biology FONDAP.[4]Departamento de Botánica, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[5]Instituto de Ecología y Biodiversidad IEB.

La flora que habita ambientes áridos sobrevive en los límites de sus rangos de tolerancia. Para ello debe enfrentar y adaptarse a condiciones extremas lo que se manifiesta a través de distribuciones discretas a lo largo de gradientes climáticos. La cactácea en cojín *Maihueniopsis camachoi (Espinosa) F.Ritter* crece en el Altiplano de la región de Antofagasta en un amplio rango de elevación (2700-4100 m). En éste trabajo evaluamos si *Maihueniopsis* facilita el crecimiento de otras plantas, reduciendo el estrés térmico y/o hídrico en un gradiente altitudinal. Observamos que doce especies crecen sobre los cojines de *Maihueniopsis* e incluso la cobertura vegetal a los 3500 m es mayor dentro de los cojines que fuera. Gran parte de ésa cobertura corresponde a *Atriplex imbricata (Moq.) D.Dietr.*, la que crece de manera solitaria ≤ 3200 m, y extiende su rango altitudinal asentándose exclusivamente sobre los cojines de *Maihueniopsis* entre los 3300-3600 m. Se registraron las temperaturas del suelo, fuera y bajo *Maihueniopsis,* y se observó que los cojines actúan reduciendo la oscilación térmica diaria. Los resultados sugieren que *Maihueniopsis* actúa como amortiguadora de temperaturas lo que evita que otras especies se congelen. Dado su rol facilitador a mayor altitud, proponemos que se trata de una especie determinante de la estructura de las comunidades vegetales del altiplano del Atacama.

FONDECYT N° 3150616, IEB y FONDAP CRG and Millennium Nucleus Center for Plant Systems and Synthetic Biology

40) ¿COEVOLUCIÓN EN SIMBIONTES DE LÍQUENES DEL GÉNERO *PELTIGERA* DEL SUR DE CHILE Y LA ANTÁRTICA?

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

Los líquenes se han definido tradicionalmente como asociaciones simbióticas entre 2 o 3 organismos, entre los cuales se encuentra siempre un hongo (micobionte) y uno o dos fotobiontes. El fotobionte puede corresponder a un alga verde o a una cianobacteria, y ambos están presentes en los líquenes tripartitos. En este trabajo se estudiaron 186 líquenes bipartitos cuyo micobionte del género *Peltigera* se asocia a cianobacterias del género *Nostoc*. Los sitios de estudio corresponden a diferentes ambientes del sur de Chile (praderas y bosques maduros y renovales de *Nothofagus pumilio*), específicamente en la Reserva Nacional Coyhaique (Región de Aysén), el Parque Natural Karukinka y la Isla Navarino (Región de Magallanes), además de una ladera volcánica en la Isla Decepción (Islas Shetland del Sur, Antártica). Dichos ambientes han sido poco estudiados en términos liquenológicos, a pesar de tener una alta diversidad de estos organismos. El objetivo de nuestra investigación fue evaluar si los simbiontes de estos líquenes presentan indicios de coevolución, para lo cual se compararon visualmente entre sí los árboles filogenéticos obtenidos usando marcadores moleculares ribosomales para ambos simbiontes mediante los análisis de Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana. Además, sus distancias filogenéticas se analizaron usando el software diseñado para el estudio de asociaciones parásito-hospedero ParaFit (asumiendo a las cianobacterias como parásitos y a los hongos como hospederos), y el software DistPCoA para el cálculo de las matrices de coordenadas principales. El análisis de coevolución indica que la asociación global de las parejas micobionte-cianobionte es distinta del azar, y que la interacción en particular del micobionte más distante filogenéticamente (M8, del grupo de *Peltigera hymenina*), es significativa ($P<0,01$) en su asociación con 3 haplotipos de cianobacterias. Asimismo, se determinó la presencia tanto de micobiontes poco específicos en cuanto a la elección de sus cianobiontes, los cuales son a su vez los más exitosos en cuanto a su distribución global; como de otros más específicos que se encontraron asociados a clados particulares de cianobacterias, y a su vez fueron los menos exitosos ecológicamente.

Financiamiento: FONDECYT 11100381; INACH F_02-10.

42) EVOLUCIÓN MORFOLÓGICA EN ANFIBIOS DEL GÉNERO *TELMATOBIUS* (ANURA) DEL ALTIPLANO Y SU MARGEN OCCIDENTAL

Fibla P[1], Zuñiga-Reinoso Á[1], Méndez M[1], [1]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. (Sponsored by Marco Méndez)

Las especies de *Telmatobius* del margen andino occidental forman un clado, el cual habría divergido de linajes Altiplánicos durante el Pleistoceno. Actualmente, se desconoce si estas especies de *Telmatobius* experimentaron cambios morfológicos a partir de formas ancestrales o si han conservado su morfología en su historia evolutiva. Por ende, los objetivos de este trabajo son evaluar la existencia de divergencia morfológica asociada a la diversificación de *Telmatobius* en el margen occidental del Altiplano e inferir cuales han sido los principales cambios morfológicos evolutivos. Esto se evaluó mediante análisis multivariados con medidas morfométricas de nueve especies de *Telmatobius* y estimando la señal filogenética y la evolución de rasgos morfológicos utilizando análisis comparativos filogenéticos. Los resultados muestran diferencias morfológicas significativas entre los tres linajes analizados. En general, fue posible distinguir un linaje con especies de cabeza angosta y extremidades posteriores largas (grupo *zapahuirensis*), un linaje con especies de cabeza ancha y extremidades posteriores cortas (grupo *hintoni*) y otro linaje cuya morfología es intermedia (grupo *marmoratus*). Los análisis sugieren que las especies de los linajes *hintoni* y *zapahuirensis* habrían divergido morfológicamente a partir de formas ancestrales "*marmoratoides*". La señal filogenética recuperada sugiere que hay rasgos que se fijaron en el ACMR de cada linaje y por tanto, se han mantenido casi sin cambios en el tiempo. Se discute sobre las posibles causas que subyacen al patrón obtenido.

FONDECYT 1140540; CONICYT PCHA/Doctorado Nacional/2014-21140355

44) APORTES Y LIMITACIONES DE LA FILOGENIA MOLECULAR A LA RE-CLASIFICACIÓN DE LOS GÉNEROS DE FLORA VASCULAR ENDÉMICOS DE CHILE.

Urbina-Casanova R[1], Saldivia P[1], **Scherson R[2]**, [1]Depto de Silvicultura y Conservación de la Naturaleza, Facultad de Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile.[2]Silvicultura y Conservacion de la Naturaleza, Ciencias Forestales y Conservacion de la Naturaleza, Universidad de Chile.

En las últimas décadas y en virtud del amplio desarrollo de la genética molecular, se ha generado una enorme cantidad de estudios filogenéticos tendientes al reconocimiento sistemático y taxonómico de grupos monofiléticos para así obtener una representación más fidedigna de la historia evolutiva de los organismos. Este proceso de reorganización sistemática y taxonómica se encuentra en pleno desarrollo, produciéndose modificaciones constantes a las clasificaciones tradicionales, las que en muchos casos no están exentas de controversia. Esta inestabilidad taxonómica se ha ido resolviendo paulatinamente en los niveles taxonómicos superiores, como Órdenes y Familias, y sigue avanzando del mismo modo hacia los niveles inferiores, concentrándose aquí la mayoría de las modificaciones en curso. Utilizando los géneros endémicos de Chile como un caso de estudio, analizamos los aportes y las limitaciones de la filogenia molecular para guiar este proceso de reorganización. Si bien esta técnica tiene un enorme potencial al respecto, se identificaron tres situaciones a discutir: la modificación arbitraria de jerarquías taxonómicas, las modificaciones sustentadas sobre filogenias con bajo soporte estadístico, y aquellas sustentadas sobre filogenias con muestreos incompletos, que dejan en evidencia la necesidad de mejorar los procedimientos para proponer cambios taxonómicos y de incorporar varias líneas de evidencia que aporten estabilidad a dichas propuestas.

Fondecyt 11121579

46) DELIMITACIÓN DE ESPECIES EN *THYLAMYS ELEGANS* (DIDELPHIMORPHIA: DIDELPHIDAE): ¿SUBESPECIES O COMPLEJO DE ESPECIES?

Boric-Bargetto D[1], Zúñiga-Reinoso Á[2], Cancino R A[3], González-Acuña D[4], Rodríguez-Serrano E[5], Hernández C E[5], Palma R E[3], [1]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[2]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[3]Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.[4]Departamento de Ciencias Pecuarias, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción.[5]Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

La delimitación de especies es esencial para la estimación de la biodiversidad de un determinado grupo taxonómico. En el caso de los marsupiales en Chile, tradicionalmente se han descrito 4 especies: *Rhyncholestes raphanurus*, *Dromociops gliroides*, *Thylamys elegans* y *Thylamys pallidior*. Sin embargo, recientemente se propuso dos nuevas especies de monito del monte (*Dromiciops bozinovici* y *Dromiciops mondaca*). Históricamente en *Thylamys elegans* se han reportado tres subespecies. Sin embargo, estudios recientes sugieren que podrían ser más subespecies. En el presente estudio se evaluó si *T. elegans* presenta varias subespecies o es un complejo de especies. Se realizó una aproximación de delimitación de especies para un locus (Poisson Tree Processes, Genealogical Sorting Index y Species Delimitation Plugin de Geneious) con el gen mitocondrial cyt *b* para 93 individuos de *T. elegans.* Los resultados sustentan que la diversidad genética de *T. elegans* está compuesta por más de una especie putativa. Se mencionan las posibles causas de las diferencias encontradas en los distintos análisis de delimitación de especies y la importancia de usar más de un método para resolver este tipo de problemáticas. Se propone complementar los resultados con marcadores nucleares y realizar una aproximación coalescente multilocus de delimitación de especies que incluya una validación de las especies putativas propuestas (spedeSTEM, BPP) y complementarlo en un enfoque de taxonomía integrativa incluyendo análisis con caracteres morfológicos.

FONDECYT 1140692, 1100558, 1100695, 1130467, 1130948, Posdoc 2016 VRIEA PUCV

48) DELIMITACIÓN DE ESPECIES MEDIANTE UNA APROXIMACIÓN MULTILOCUS Y BIOGEOGRAFÍA DEL GÉNERO MICROLOPHUS EN CHILE

Rodriguez E[1], Boric-Bargetto D[1], Torres-Pérez F[1], Vidal M[2], Ortiz J C[3], [1]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[2]Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío.[3]Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas , Universidad de Concepción. (Sponsored by Fernando Torres Pérez)

La delimitación de especies es un aspecto importante dentro de la Sistemática y ha sido una disciplina re-emergente en la última década. La comparación de métodos para dilucidar límites de las especies ha sido útil para resolver la taxonomía de taxa con historias evolutivas complejas. *Microlophus* Dumeril y Bibron 1837 es un género de saurios distribuido en el oeste de América del Sur desde el Ecuador y las Galápagos hasta el norte de Chile. Basado en morfología, 7 especies son identificadas actualmente en Chile: *M. atacamensis, M. quadrivittatus, M. heterolepis, M. maminensis, M. tarapacensis, M. theresioides y M. yanezi*. Similitudes y amplia variación morfológica, junto a la ausencia de grupos monofiléticos usando algunos caracteres moleculares, no han permitido dilucidar la sistemática de las especies en Chile ni determinar sus límites geográficos. Para resolver estas interrogantes, se realizaron análisis multilocus incluyendo ADN mitocondrial y nuclear para inferir genealogías de genes con un enfoque comparativo. Además, se evaluaron diferentes escenarios biogeográficos para poner a prueba rutas alternativas de colonización hacia Chile mediante simulación coalescente en DIYABC. Los resultados de los análisis filogenéticos muestran que *Microlophus* en Chile no es un grupo monofilético. Los valores de GSI_T revelan que, a pesar de la separación incompleta de linajes, todas las especies excepto *M. heterolepis* son sustentadas como linajes independientes. Los análisis biogeográficos apoyaron la colonización de *Microlophus* hacia Chile por dos rutas independientes, costa e interior. Estos resultados permiten contribuir a la resolución de los temas complejos de la Sistemática y biogeografía de *Microlophus* en Chile.

Financiamiento: FONDECYT 1131009

50) CAVIOMORPHA: TIEMPO DE DIVERGENCIA Y PATRONES DE DIVERSIFICACIÓN

Lazo-Cancino D[1], Rodríguez-Serrano E[1], Hernández C E[2], [1]Laboratorio de Mastozoología, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[2]Laboratorio de Ecología Evolutiva y Filoinformática, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. (Sponsored by Cristian E. Hernández Ulloa)

Caviomorpha (Rodentia, Hystricognathi) es uno de los clados más diversos de mamíferos sudamericanos. Se encuentran en todos los hábitats disponibles en el neotrópico con diversos hábitos locomotores y junto a su larga historia evolutiva, son un interesante modelo para estudiar patrones macroevolutivos. En el presente estudio se evaluó si la gran diversidad de roedores caviomorfos se debe a radiación evolutiva, caracterizada por una temprana y rápida cladogénesis seguida de una desaceleración de la tasa de diversificación. Para ello se reconstruyó las relaciones filogenéticas y tiempos de divergencia utilizando genes mitocondriales y nucleares, calibrando con fósiles y, se determinaron las tasas de diversificación. Los resultados estimaron que la divergencia entre Phiomorpha con Caviomorpha sucedió hace 42 Ma, la divergencia de los caviomorfos habría ocurrido hace 34.78 Ma., seguida por la de las 4 superfamilias de caviomorfos durante el Oligoceno temprano. Se estimó una baja tasa de especiación la cual ha ido aumentando durante los últimos 20 Ma. con un cambio más probable en el clado de la familia Ctenomyidae. Al no encontrarse evidencia para una temprana y rápida tasa de especiación, contrastante con el modelo de radiación, se concluye que la gran diversificación del clado Caviomorpha no estaría explicada por un evento de radiación evolutiva. Por lo anterior, es necesario evaluar en un futuro cuales serían los factores bióticos o abióticos implicados en la diversidad de los rasgos de vida de estos roedores.

Proyecto Fondecyt 1140692, beca CONICYT Magister Nacional Año Académico 2015

52) LA IMPORTANCIA DE PEQUEÑAS VERTIENTES PARA LA CONSERVACIÓN DE UNIDADES EVOLUTIVAS EN *ORESTIAS GLORIAE* (TELEOSTEI; CYPRINODONTIDAE): ESTRUCTURA Y DIVERSIDAD GENÉTICA EN EL SALAR DE CARCOTE.

Cruz-Jofré F[1,2], Morales P[1], Vila I[1], Méndez M[1], [1]Ciencias Ecológicas, Ciencias, Universidad de Chile.[2]Escuela de Medicina Veterinaria, Viña del Mar, Recursos Naturales y Medicina Veterinaria, Universidad Santo Tomás. (Sponsored by Marco Antonio Méndez Torres)

Orestias gloriae es endémica del salar de Carcote en el Altiplano chileno. La posición geográfica y la altitud del salar lo sitúa muy cercano a la cuenca del salar de Uyuni en el Altiplano boliviano, estos salares habrían estado conectados durante el último evento glaciar, periodo en el cual habrían existido paleolagos de gran extensión en el Altiplano Sur (Tauca-Coipasa periodo 10-17 ka AP). Actualmente, el salar Carcote presenta grandes extensiones áridas que separan los pequeños cuerpos de agua presente y *O. gloriae* ha sido observada solo en tres vertientes, aisladas entre sí por grandes zonas evaporíticas. El presente trabajo evalúa la diferenciación genética entre las vertientes utilizando un fragmento de la Región Control y ocho microsatélites (ADN nuclear). El análisis de estructuración genética (STRUCTURE-AMOVA) permitió reconocer tres grupos bien diferenciados en cada una de las vertientes, con ambos marcadores. La diferenciación estaría determinada por la disminución del nivel de agua, que habría ocurrido luego de la desecación de los paleolagos que habrían fragmentado los cuerpos de agua y las poblaciones, disminuyendo su conectividad. Actualmente, esta condición los hace vulnerables frente a cambios en la disponibilidad de agua, particularmente en una zona donde el recurso hídrico es escaso y tiene diversos usos recreacionales-productivos.

FONDECYT 1140543, FONDECYT 1140540, CONICYT-PCHA/doctorado Nacional/2012- 21120972, CONICYT-PCHA/doctorado Nacional/2015-21150821

54) DISTRIBUCIÓN ESPACIAL DE LA VARIACIÓN GENÉTICA INTRA E INTERESPECÍFICA DE *EUPSOPHUS* DEL GRUPO *ROSEUS* (ANURA, ALSODIDAE) EN SU DISTRIBUCIÓN NORTE

Correa C[1], Durán F[1], Coronado T[1], Vásquez D[2], Ortiz J C[1], [1]Departamento de Zoología Universidad de Concepción.[2]Departamento de Ecología Pontificia Universidad Católica de Chile.

Los anfibios del género *Eupsophus* son característicos de los bosques templados del sur de Chile y Argentina. El género se divide en dos grupos, *roseus* (ocho especies) y *vertebralis* (dos especies), siendo el primero el de distribución más amplia (35°50'-49°20'S). Recientemente, un estudio sugirió cambios taxonómicos importantes en el grupo *roseus*, principalmente la redefinición de la especie *E. roseus* que se distribuye entre los 35°50' y 40'S. En este estudio se utilizaron secuencias de la región control mitocondrial para describir los patrones de variación genética de *E. roseus* y especies afines (*E. insularis* y *E. migueli*) en todo su rango de distribución. En *E. roseus* se identificaron varios haplogrupos con distribuciones geográficas exclusivas, observándose la mayor diversidad genética en el extremo sur y en el margen oeste de su distribución. Con la excepción de localidades muy cercanas, no hay haplotipos compartidos entre localidades en ninguna de las especies, lo cual, en algunos casos, es acompañado por una alta divergencia haplotípica intrapoblacional. Estos patrones de variación genética se utilizaron para identificar zonas prioritarias para la conservación de estas especies.

Financiamiento: Fondecyt PAI 79130032

56) COMUNICACIÓN QUÍMICA EN *PLEURODEMA THAUL* (ANURA: LEPTODACTYLIDAE) (Chemical communication in *Pleurodema thaul* (ANURA: Leptodactylidae)

Rojas V[1], Labra A[2], Valdés J L[3], Velásquez N A[1], [1]Departamento de Biología y Química , Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Católica del Maule.[2]Centre for Ecological and Evolutionary Synthesis University of Oslo .[3]ICBM, Facultad de Medicina , Universidad de Chile.

La comunicación animal establece el intercambio de información entre emisor y receptor, existiendo diversos canales para llevar a cabo este proceso (e.g. acústico, visual, químico). *Pleurodema thaul* es el anuro con mayor distribución geográfica en Chile y utiliza extensamente el canal acústico para comunicarse. Estudios previos indican que las hembras no muestran preferencias por machos locales o foráneos, abriendo la posibilidad de que exista otro canal comunicativo. Con el objetivo de estudiar la influencia de sustancias químicas en las elecciones de las hembras de esta especie, hembras fueron sometidas a experimentos de doble elección en un laberinto de campo abierto, pudiendo elegir entre una cubeta con agua destilada u otra con agua con rastros de machos. Además, otro conjunto de hembras fue sometido a experimentos similares en un laberinto en "Y", donde los brazos contenían las mismas soluciones utilizadas en el laberinto anterior. Los resultados muestran que las hembras prefieren el agua con rastros de machos, así lo indican el número de elecciones y el tiempo transcurrido en cada zona del laberinto. Esto sugiere que sustancias químicas influyen en la elección de las hembras, estableciéndose una comunicación multimodal en el proceso de selección intersexual.

FONDECYT 11149752

58) SISTEMÁTICA DE LAS ESPECIES EN EL GÉNERO *MICROLOPHUS* (SQUAMATA: TROPIDURIDAE): EVALUACIÓN FILOGENÉTICA DE DOS ESPECIES DEL DESIERTO COSTERO DEL NORTE DE CHILE.

Coronado T[1], Vidal M[2], Torres-Pérez F[3], Ortiz J[1], [1]Zoología, Ciencias Naturales y Oceanograficas, Universidad de Concepción.[2]Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío.[3]Instituto de Biología Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

En Chile se han registrado siete especies del género *Microlophus,* distribuidas en el norte de Chile. Dos de ellas, *M. quadrivittatus* y *M. atacamensis*, se encuentran asociadas principalmente al sector costero rocoso. Se distribuyen entre Arica y Huasco, teniendo como límite la desembocadura del río Loa. Ambas especies presentan características ecológicas similares, como el uso del hábitat y la dieta. Estudios previos de tipo reproductivo, cromosómico y morfológico no mostraron diferencias significativas para diferenciar ambas especies. En este estudio se usaron herramientas moleculares (secuencias nucleotídicas de citocromo b) para determinar las relaciones filogenéticas entre diferentes poblaciones y determinar si ambos taxa propuestos son monofiléticos. Las reconstrucciones filogenéticas mediante inferencia bayesiana, no permiten identificar linajes independientes entre ambas especies, aunque sí separadas de las otras especies de *Microlophus* del grupo *peruvianus*. Se discuten estos resultados en el marco de la taxonomía y sistemática de las especies de *Microlophus* del grupo *peruvianus* en Chile.

Fondecyt 1131009, Beca Conicyt.

60) UNA ESPECIE NOMINAL, PERO VARIAS ESPECIES FILOGENÉTICAS: DESENTRAÑANDO LA DIVERSIDAD OCULTA DEL GÉNERO *POTAMOLITHUS* EN CHILE UTILIZANDO CARACTERES MOLECULARES

Collado G[1], [1]Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío.

La delimitación de especies a menudo es una tarea difícil de realizar en grupos con caracteres morfológicos convergentes y que además son poco conocidos. En Chile la fauna de microgasterópodos de agua dulce del género *Potamolithus* Pilsbry, 1896 se restringe a una sola especie, *Potamolithus australis* Biese, 1944 de Puerto Chico, lago Llanquihue, cantidad que contrasta, por ejemplo, con las 22 especies reconocidas en Argentina. En este estudio se examinan las relaciones filogenéticas basado en secuencias de DNA nuclear y mitocondrial de caracoles de Chile, Argentina, Uruguay y Brasil abarcando un amplio rango de distribución geográfica del género. El estudio incorpora muestras de más de 20 localidades de nuestro país que se encuentran ubicadas entre la Región de Valparaíso y la Región de Magallanes y Antárctica Chilena. Para la reconstrucción de árboles filogenéticos se utilizaron los métodos de máxima parsimonia, máxima verosimilitud e inferencia bayesiana. El análisis molecular reveló que en Chile el género *Potamolithus* es mucho más diverso que lo conocido previamente, con varias especies filogenéticas aparte de *P. australis*. Se discuten los mecanismos posiblemente implicados en el origen de esta diversidad.

62) HISTORIA EVOLUTIVA DE LOS PULPOS DEL GÉNERO OCTOPUS (CUVIER, 1797) EN AMÉRICA

Cifuentes Bustamante A[1], Pardo-Gandarillas M C[2], [1]Ecología y Biodiversidad, Ecologia y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.[2]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. (Sponsored by María Cecilia Pardo Gandarillas)

La configuración del continente americano ha experimentado diversos procesos geomorfológicos, entre ellos la formación del Istmo de Panamá durante el Plioceno. Esta formación impidió las migraciones de animales marinos entre los océanos Atlántico y Pacífico implicando una serie de procesos evolutivos importantes. Se amplificaron tres genes mitocondriales de diecisiete especies para inferir la filogenia y los tiempos de divergencia del género Octopus en América. Además, se elaboró una matriz de secuencias de treinta especies del género Octopus y cincuenta especies de otros géneros desde GENBANK. El análisis filogenético con genes concatenados mostró dos clados de los Octopus con un ancestro en común de hace aproximadamente 5 millones de años. Ambos clados estuvieron constituidos por especies del Pacífico y Atlántico, con tiempos estimados de divergencia menores a 5 millones de años. Esto resultados sugieren una historia evolutiva de los pulpos coincidente con la formación del Istmo de Panamá, el cual habría actuado como barrera geográfica, impulsando los procesos que dieron origen a las especies de Octopus en América.

FONDECYT 31400610 y FONDECYT 1130266.

64) NUEVOS REGISTROS DE BRIÓFITAS EN LA RESERVA NACIONAL RIO LOS CIPRESES, REGIÓN DE O'HIGGINS, CHILE

León C A, **Valderrama A[1]**, Benitez-Mora A[1], Neila-Pivet M[1], [1]Centro de Investigación en Recursos Naturales y Sustentabilidad, Vicerrectoría de Investigación y Postgrado, Universidad Bernardo O`higgins.

Las briófitas cumplen importantes roles ecológicos como retenedores de agua, formadores de suelo, etc. Sin embargo, en Chile, el conocimiento de estos organismos es muy escaso, especialmente en la Región de O'Higgins. Previo a este estudio habían sido reportadas cinco especies de hepáticas. Considerando lo anterior se busca aumentar el conocimiento de este grupo a través de un estudio florístico llevado a cabo en la Reserva Nacional Rio Los Cipreses, ubicada en Machalí, Región de O'Higgins. En la primera fase del estudio se han identificado seis especies de hepáticas, siendo cinco de ellas nuevos registros para la región. Por otra parte, una de las especies reportadas, hasta el momento sólo había sido reportada en los bosques lluviosos del sur, por lo que se amplía de manera importante su distribución geográfica. En conclusión, este estudio incrementa de forma significativa la flora hepaticológica de la Región de O'Higgins, quedando actualmente en 10 especies. Dados los resultados encontrados queda en evidencia la necesidad de aumentar el conocimiento que se tiene de este grupo, especialmente en la zona Central de Chile que reúne una alta biodiversidad y singularidad de la biota, que está altamente amenazada por las acciones antrópicas.

Agradecimientos: Fondo Científico Alto Cachapoal - Pacific Hydro Chile y CONAF

66) PUYALES DE CHILE CENTRAL

Villaseñor R[1], Ramírez Verdugo P[1], [1]Biología, Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha de Ciencias de La Educación.

Como Puyales, hemos definido a una formación en que dominan las poblaciones del género Puya. Las Puyas de Chile central presentan una forma de crecimiento que no es suculenta (Etienne y Prado, 1982) sino que su estructura es esclerófila (Ramírez et al. 2014). No son arbustos, por lo que no forman matorrales (Luebert, en Elortegui y Moreira, 2002)

Se estudian las comunidades en que dominan las especies del género Puya, mediante el método fitosociológico de Braun-Blanquet (Steubing *et al* 2005) desde la IV a la VI Región.

Reconocemos las siguientes asociaciones:

-*Puya berteroniana- Trichocereus chiloensis(Puyo-Trichocereetum chiloensis* Villaseñor y Serey, 1980), descrita en La Campana

-*Puya berteroniana- Trichocereus chiloensis* ssp. *litoralis* variante litoral (*Puyo- Trichocereetum chiloensis variante litoralis,* Ramírez y Villaseñor, 2016), descrita en los acantilados de Valparaíso

-*Puya berteroniana – Pyrrhocactus curvispinus,* no descrita hasta el momento.

-*Puya chilensis* forma poblaciones casi puras, en las terrazas litorales y lomajes suaves de la IV y V Región.

-*Puya venusta- Eulychnia castanea*, asociación que se encuentra también en terrazas costeras, pero está muy restringida a lugares como Los Molles y cercanos

-*Puya coerulea* var *violacea* (*Puyeetum violaceae*, Villaseñor y Serey, 1980). Asociación que vive por sobre los 900 msnm en la cordillera de la costa de la V Región y la zona andina en la VI Región.

Los Puyales forman asociaciones independientes de los matorrales y ocupan lugares rocosos.

68) EFECTO DE LA ENDOZOOCORÍA Y LATENCIA EN LA GERMINACIÓN Y SOBREVIVENCIA DE SEMILLAS DE *EULYCHNIA ACIDA* (CACTACEAE).

Sáez-Cordovez C[1], Cares R[1], Medel R[1], Botto-Mahan C[1], [1]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. (Sponsored by Carezza Botto Mahan)

Eulychnia acida es una cactácea endémica de Chile que actualmente no presenta dispersores nativos, pero se ha observado a camélidos y ganado caprino consumiendo sus frutos dentro de todo su rango de distribución. Aquí evaluamos el efecto de la endozoocoría por cabras y guanacos, y la dormancia sobre la germinación y sobrevivencia de semillas y plántulas de *E. acida*. Para esto, se realizaron experimentos de cafetería a partir de los cuales se obtuvo semillas consumidas por cabras y guanacos. Con la mitad de ellas se realizaron experimentos de germinación en laboratorio el mismo año, y la otra mitad fue almacenada durante un año a temperatura ambiente para posteriormente realizar los experimentos de germinación (n=100 por tratamiento). Las semillas de frutos consumidos por guanacos germinan significativamente menos que aquellas consumidas por cabra o control, mientras que no se detectaron diferencias entre semillas consumidas por cabra y el control. Estos resultados son consistentes para los dos años de experimentos. Sin embargo, para todos los tratamientos la germinación fue significativamente mayor el segundo año. No se detectó diferencias para la sobrevivencia entre los tratamientos en ninguno de los dos años de experimentos, sin embargo, la sobrevivencia fue mayor el segundo año en semillas consumidas por guanacos y control. Sugerimos que la cabra actuaría como dispersor de esta cactácea y que la latencia en semillas de *E. acida* favorecería su germinación y sobrevivencia.

FONDECYT 1140521

70) DISTRIBUCIÓN Y PATRONES DE ENDEMISMO DEL GÉNERO *CALCEOLARIA* EN CHILE

Millán C[1], [1]Instituto de Geografía, Facultad de Ciencias del Mar y Geografía, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

La flora nativa vascular de Chile muestra altos niveles de endemismo, con una concentración en el *hotspot* de Chile mediterráneo. Una de las familias que muestra altos niveles de endemismo es *Calceolariaceae,* con 43 especies endémicas de Chile.La familia comprende dos géneros: *Calceolaria* y *Jovellana,* ambos presentes en Chile. Su distribución geográfica es principalmente Neotropical-Andina, desde México hasta Tierra del Fuego. En Chile existen 50 especies de *Calceolaria* según la última revisión del género. En el presente estudio se utilizó las bases de datos pertenecientes a las colecciones de los herbarios CONC (1932 registros)y SGO (1164 registros). Se revisó las monografías más recientes, así como el "Catálogo de Plantas Vasculares de Flora del Cono Sur" del instituto de Bptánica Darwinion, y una actualización del "Catalogue of Life" (Junio 2016). Los registros entregan una distribución de la familia a lo largo del territorio nacional desde los 18°S a los 57°S, y altitudinalmente, desde el nivel del mar a los 4500 msnm. A Continuación se realizará una evaluación de los rangos de distribución de las especies sobre la base de los registros, los mapas provistos por las monografías, y los modelos de nicho ecológico. En una escala de mayor detalle se realiza una evaluación de las condiciones del hábitat que permite la distribución simpátrica de varias especies, aunque con diferencias en el rango altitudinal. Para estos efectos se estudia la distribución de detalle de 15 especies de *Calceolaria* en el Cerro la Campana, Región de Valparaíso, Chile. Agradecimientos Fondecyt 1150425

Fondecyt 1150425

72) COMPARACIÓN DE LA COMUNIDAD DE HONGOS ENDÓFITOS ENTRE LA FILÓSFERA Y RIZÓFORA*EN UNA POBLACIÓN DE ARISTOLOCHIA CHILENSIS* (ARISTOLOCHIACEAE)

González -Teuber, M[1], Escobedo V. M[1], Guevara Araya, M. J.[1] , [1]Biología Universidad de La Serena.

Los hongos endófitos habitan los tejidos de las plantas (hojas, raíces y tallos) en forma asintomática, pudiendo favorecer el desarrollo de ésta. Sus comunidades son altamente diversas, estando influenciadas por las condiciones bióticas y abióticas del hospedador. Estudios sugieren que la variabilidad ambiental afecta altamente la estructura de la comunidad de HE en los tejidos de la planta huésped. Debido a que la filósfera, en comparación con la rizósfera, se enfrenta constantemente a un ambiente más heterogéneo, con fluctuaciones de temperatura, humedad y radiación UV, se ha sugerido que la diversidad de HE es mayor en los tejidos foliares en comparación con los tejidos radiculares dentro de una misma planta hospedera. El presente estudio tiene como objetivo poner a prueba esta hipótesis, comparando la estructura de la comunidad de HE entre hojas y raíces en una población de *Aristolochia chilensis* (Aristolochiaceae) en la localidad de Totoralillo, Coquimbo. Se colectó hojas y raíces de 10 plantas de *A. chilensis* para proceder posteriormente con la esterilización del material, cultivo y aislamiento de HE, extracción de ADN e identificación molecular mediante la amplificación del gen 18S rRNA. Se encontró diferencias significativas en la estructura de ña comunidad de HE entre los tejidos de *A. chilensis*. La riqueza de HE fue significativamente mayor en hojas que en raíces, mientras que la prevalencia total de HE fue mayor en raíces.Mientras en hojas cuatro especies de hongos dominan la comunidad, en raíz hay sólo un hongo dominante. Los resultados muestran que la comunidad de HE puede variar considerablemente entre tejidos, incluso dentro de una misma planta. Factores ambientales podrían explicar estas diferencias, aunque esto última aún debe ser estudiado en detalle.

Fondecyt Nº 11130039

74) CONTRIBUCIÓN A LA FLORA VASCULAR DEL SANTUARIO DE LA NATURALEZA CAJÓN DEL RÍO ACHIBUENO, REGIÓN DEL MAULE, CHILE

Alarcón D[1,2], Marticorena A[1], Santos D[2,3], Thielemann E[2], Canifrú R[2], [1]Departamento de Botánica Universidad de Concepción.[2]Agrupación Chilebosque.[3]Vivero Encanto Salvaje.

La cuenca del río Achibueno (Provincia de Linares, Región del Maule), constituye un sitio prioritario para la conservación de la biodiversidad y ha sido recientemente declarado Santuario de la Naturaleza. A través de 7 expediciones cubriendo diversas altitudes, hemos logrado registrar una lista preliminar de la flora vascular presente dentro de la cuenca, con una riqueza de más de 250 especies de plantas nativas, con un importante porcentaje de ellas endémicas de Chile. Las formas de vida más numerosas se concentran en herbáceas (más de 130), arbustos (60) y árboles (38). Las familias más ricas en especies incluyen Asteraceae (32), Orchidaceae (13), Poaceae (12) y Rosaceae (11). Dentro de los hallazgos, destacan numerosas especies bajo categorías de amenaza a la conservación, con nuevas poblaciones de especies en peligro de extinción (tales como *Anemone moorei* Espinosa y *Beilschmiedia berteroana* (Gay) Kosterm.) y límites septentrionales de distribución en especies de bioma templado, como límites meridionales para especies de bioma mediterráneo, que le confieren un especial interés para la conservación a esta bella zona poco difundida y altamente amenazada por proyectos en el área.

Proyecto Flora del Achibueno (Chilebosque y Vivero Encanto Salvaje)

76) RESPUESTA DE LA DENSIDAD ESTOMÁTICA DE *UGNI MOLINAE* TURCZ. EN UN GRADIENTE AMBIENTAL

Valenzuela G[1], **Naulin P I[1]**, [1]Laboratorio Biología de Plantas, Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile. (Sponsored by Paulette I. Naulin)

La variabilidad ambiental y genética influyen sobre los rasgos de plantas vasculares, generando respuestas heterogéneas en sus tejidos y órganos. Rasgos asociados a las hojas, pueden constituir atributos clave para el modelamiento y los aspectos biogeográficos asociados. El tamaño y la densidad de estomas responden a diferencias en la temperatura, disponibilidad de agua y nutrientes. Entender como varia la densidad estomática del tejido epidermal en gradientes ambientales permitiría evaluar cómo especies responden a ambientes fluctuantes.Tres hojas de 10 individuos fueron colectadas en 25 poblaciones de *Ugni molinae*, en su distribución en Chile. Las muestras se diafanizaron según Dizeo De Stittmatter (1973), fueron microfotografiadas y medidas con el programa ImageJ. Se evaluó área (LMA) y perímetro foliar (LMP), largo, ancho y densidad de estomas. Además, se consultó en WorldClim las precipitaciones (pp) y temperatura media anual (Tma). Los resultados muestran diferencia entre las poblaciones (Kw:p<0,05) en morfología y densidad estomática, sin embargo, no es posible establecer un gradiente de variación a nivel latitudinal. La densidad estomática se relaciona inversamente con las variables morfológicas (LMA y LMP) (cor:-0,64_p<0,05 y cor:-0,73_p<0,05), además varia proporcionalmente con la precipitación (cor:0,28_p>0,05), e inversamente con la temperatura (cor:-0,71_p<0,05). Las características estructurales del complejo estomático (largo y ancho) se relaciona inversamente con la densidad (cor:-0,2_p>0,05 y cor:-0,14 p>0,05). La densidad estomática en *Ugni molinae* responde inversamente tanto a las variables morfológicas, como anatómicas.

78) ENDEMISMO EN EL GÉNERO *SENECIO* (ASTERACEAE): PATRONES LATITUDINALES Y ALTITUDINALES EN CHILE

Moreira-Muñoz A[1], Morales V[2], Muñoz-Schick M[3], Marticorena A[4], [1]Instituto de Geografia, Facultad de Ciencias de Mar y Geografía, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[2]Instituto de Geografía, Facultad de Historia, Geografía y Ciencia Política, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[3]Botánica, Herbario Nacional , Museo Nacional de Historia Natural.[4]Botánica , Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. (Sponsored by Fondecyt)

El género *Senecio* (Asteráceas), con alrededor de 220 especies, es el más diverso de la flora vascular de Chile. A pesar de ser un género cosmopolita, la mayor parte de las especies chilenas (ca. 50%) son endémicas, las cuales se distribuyen desde la Región de Arica y Parinacota hasta Magallanes. Algunas especies ocupan rangos de distribución geográfica muy estrechos, de manera que son consideradas endémicas locales: es el caso de *Senecio laucanus* de Arica y Parinacota; o *Senecio graventai*, endémica de la cumbre del Cerro La Campana. Ello puede ser muy relevante al momento de evaluar su estado de conservación. Para lograr un mejor conocimiento de los patrones de distribución latitudinal y altitudinal de las especies, se revisó los ejemplares del Herbario Nacional (SGO) y el Herbario de la Universidad de Concepción (CONC). Las coordenadas de las localidades se obtuvieron de las etiquetas; o de catálogos y diccionarios geográficos. Mediante el programa ArcGis 10.1, se calculó la variación de la riqueza de especies según latitud y altitud; se utilizó una matriz regular con celdas de 10 x 10 minutos. Los resultados muestran dos centros de diversificación, uno en el Altiplano de la Región de Arica y Parinacota, y el otro en Chile Central entre las regiones de Coquimbo y Biobío. La riqueza de especies se concentra entre las regiones de Antogafasta y Metropolitana. La región con más especies endémicas es Coquimbo (31 especies), mientras que las regiones de Los Lagos, Aysén y Magallanes no tienen especies endémicas; todas se comparten con Argentina. La variable latitud muestra que existe una mayor concentración de especies entre las latitudes 30°- 38°, la cual disminuye hacia el norte y sur. Por otro lado, la altitud marca de manera significativa el número de especies, existiendo mayor riqueza entre los 1.000 y 3.000 m.s.n.m. Se continúa depurando la base de datos en cuanto a las coordenadas geográficas, para establecer vacíos de colecta que podrían ser llenados mediante campañas de terreno luego de aplicar modelos de nicho ecológico; y también se continúa la revisión de ejemplares para aclarar confusiones taxonómicas que pueden oscurecer estudios de esta naturaleza.

Fondecyt 1150425

80) FACILITACIÓN DE ORQUÍDEAS ENDÉMICAS POR ARBUSTOS EN LA REGIÓN DE VALPARAÍSO

Muñoz-Tapia L[1], Lara S[1], Pereira G[2], Atala C[1], [1]Laboratorio de Anatomía y Ecología Funcional de Plantas, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[2]Laboratorio de Biotecnología de Hongos, Campus Los Angeles, Universidad de Concepción.

Las orquídeas en la V región se ven fuertemente amenazadas por la perturbación antrópica y por el daño causado por herbívoros. Arbustos nativos podrían actuar como plantas nodrizas, evitando que sean depredadas por conejos, vacas o caballos. Adicionalmente, los arbustos podrían disminuir el estrés ambiental, como se ha visto en otros sistemas. El presente trabajo tiene como objetivo estudiar la facilitación putativa de arbustos nativos sobre tres especies de orquídeas endémicas de Chile: *Chloraea galeata, C. bletioides,* y *Bipinnula fimbriata.* Se consideraron tres sitios de estudio con diferentes condiciones microclimáticas y de vegetación: Palmar El Salto, Reserva Nacional Lago Peñuelas y Punta Curaumilla. Se encontró que bajo arbustos hay mayor densidad de individuos de orquídeas y menos herbivoría (menor frecuencia e intensidad) que fuera de éstos. Además, la tasa de crecimiento bajo arbustos es mayor. El porcentaje de escapos depredados también es mayor fuera de los arbustos, pero la cantidad total de orquídeas que producen escapos bajo arbustos es menor. En cuanto a las condiciones abióticas, dentro de los arbustos hay una menor radiación lumínica y temperatura, y una mayor disponibilidad hídrica que fuera de éstos. El efecto positivo de los arbustos sobre las orquídeas fue consistente en los tres sitios de estudio. Los resultados indican que arbustos facilitan el desarrollo de las orquídeas endémicas en la zonas central de Chile, en particular de la V región, cumpliendo un rol como nodrizas al evitar la herbivoría y generar condiciones menos estresantes.

Agradecimientos: Proyecto DI-Regular 039.333/2016 (VRIEA, PUCV), personal de la Reserva Nacional Lago Peñuelas (CONAF).

82) COMPOSICIÓN QUÍMICA Y ACTIVIDAD ANTI-FITOPATÓGENA DE ACEITE ESENCIAL DE *BEILSCHMIEDIA MIERSII* (BELLOTO NORTE)

Carvajal M[1], Vergara A[1], Osorio M[2], Seeger M[1], [1]Quimica, Centro de Biotecnología, Universidad Técnica Federico Santa María.[2]Quimica Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile.

Beilschmiedia es uno de los géneros pantropicales más grande de la familia *Lauraceae*. Comprende unas 250 especies y se distribuye en zonas tropicales y subtropicales de Australia, Nueva Zelanda, Asia y América. *Beilschmiedia miersii* es un árbol endémico de la zona central de Chile, que forma parte del bosque esclerófilo*.

El aceite esencial de *B. miersii* se obtuvo por hidrodestilación de partes aéreas (hoja y ramilla) con un rendimiento (w/w) de 0,2% en forma de aceite esencial de color amarillo. El análisis por GC-MS de este aceite esencial identificó 31 compuestos, donde los componentes mayoritarios fueron; 9 monoterpenoides, 12 sesquiterpenoides, y 3 fenilpropanoides: sarisan (45.77%), éter metil eugenol (27,68%) y safrol (5,83%), caracterizándose por un contenido alto de fenilpropanoides y bajo de terpenoides.

Pruebas de actividad *in vitro* indicaron que este aceite esencial posee efecto inhibidor sobre el crecimiento de fitopatógenos, tales como: bacterias *E. carotovora* (IC_{50}: 104 mg/mL), *P. syringae* (IC_{50}: 100 mg/mL) y *A. tumefaciens* (IC_{50}: 5 mg/mL), y hongos *B.cinerea* (IC_{50}: 500 mg/mL), *G. fujikuroi* (IC_{50}: 600 mg/mL) y *P. cinnamomi* (IC_{50}: 200 mg/mL).

La nueva información generada en este estudio permitirá explorar potenciales aplicaciones de esta especie en nutracéuticas y agronomía.

*Salleh WM, Ahmad F, Yen KH, Zulkifli RM. (2016) *International Journal of Food Science & Technology*, 51, 240-249.

84) EL TAMAÑO IMPORTA: ANÁLISIS DEL PATRÓN DE LA DISTRIBUCIÓN DE LOS ESTOMAS

Naulin P I[1], Valenzuela G[1], Estay S[2], [1]Laboratorio Biología de Plantas, Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile.[2]Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias. Universidad Austral de Chile, Center for Applied Ecology and Sustainability, Facultad de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile, Universidad Austral de Chile.

La distribución estomas es un ejemplo de patrón biológico. Los métodos utilizados para estudiar los patrones estomas generalmente se basan en el análisis gráficos y/o patrones de puntos. Estos asumen que los estomas son puntos y pasan por alto las limitaciones que impone el tamaño sobre la ubicación de los vecinos. La inclusión de tamaño en el análisis requiere el uso de un modelo nulo basado en objetos geométricos de tamaño finito. En este estudio, se utilizó el tejido epidermal foliar de diversas especies cultivadas en un ambiente homogéneo. Las muestras se prepararon mediante el protocolo de diafanización propuesto por Dizeo de Stritmatter (1973). Las variables anatómicas fueron medidas y analizadas en ImageJ, fueron comparados los resultados con análisis punto y modelos nulos de disco. Los resultados muestran que, dependiendo del modelo nulo utilizado, hubo una reducción del 20% en el número de muestras clasificadas como uniforme. Esto sugiere que el patrón de distribución uniforme no es tan general como se creía. Algunas muestras cambian drásticamente su calificación desde uniforme a agrupado. Esto refuerza la importancia de la selección de un modelo nulo adecuado para evitar las inferencias incorrectas sobre los mecanismos biológicos subyacentes al no considerar el efecto de la superficie en la distribución de los componentes celulares. Se sugiere abandonar el análisis de patrón de puntos a la hora de estudiar los patrones estomas; conclusiones más realistas pueden extraerse del análisis de objetos de tamaño finito.

86) MICORRIZACIÓN CONTROLADA EN PLÁNTULAS DE *CHLORAEA GAVILU* (ORCHIDIACEAE)

Pereira G[1], García L[1], Cid H[1], Muñoz L[2], Romero C[1], Atala C[2], [1]Laboratorio de Biotecnología de Hongos Universidad de Concepción.[2]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Individuos de la orquídea endémica de Chile *Chloraea gavilu* fueron recolectados en campo y cultivados en invernadero. En fase de floración se realizó autopolinización manual. A 35 días de la polinización las cápsulas fueron cosechadas. Para su germinación asimbiótica se utilizó el medio de cultivo comercial Malmgren Modified Terrestrial Orchid Medium (MM). Semillas de *C. gavilu* fueron desinfectadas en superficie y puestas en placas Petri con medio MM para su germinación *in vitro*. Las semillas en fase de promeristema fueron repicadas a frascos de propagación con medio MM, desarrollando su parte aérea y radicular durante 16 semanas. Dos especies de hongos orquidiodes fueron utilizados, *Ceratobasidium sp*. del cepario UdeC y una especie aislada de *Chlorea virescens*. De colonias activas en crecimiento se retiraron tres discos de agar-micelio por separado, transfiriéndose a matraces Erlenmeyer con 60 mL de medio Papa Dextrosa líquido a pH 5.8. Los matraces fueron incubados en oscuridad a 24 ± 1°C durante 8 días. La biomasa producida se cosechó y trituró con agua destilada. La suspensión micelial fue utilizada como fuente de inóculo (10 mL por plántula de *C. gavilu*) para el repique de las plantas a contenedores individuales (165 mL, con mezcla de sustrato vermiculita/turba). Las plántulas se dejaron crecer durante 12 semanas en cámara de cultivo a 24 ± 1°C, HR del 65% e intensidad lumínica de 70 $\mu molm^{-2}seg^{-1}$. A tres meses de la inoculación *C. gavilu* presenta micorrización con formación de pelotones dentro de las células parenquimáticas de la corteza de la raíz.

Agradecimientos: VRID-UdeC, 214.418.006-1.0. - DI regular 039.333/2016 (PUCV)

88) LISTAS DE ESPECIES EXÓTICAS PROHIBIDAS: IMPORTANCIA Y CASO DE ESTUDIO

Herrera I[1], Goncalves E[2], Salas M[3], [1]Agronomia, Ciencias agrícolas y ambientales, Universidad Agraria del Ecuador.[2]Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[3]Centro de Ecología Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas.

Las especies invasoras pueden generar importantes impactos económicos, ecológicos y sobre la salud humana. Para tratar este problema existen dos estrategias no excluyentes entre sí: la prevención y el manejo prioritario. La prevención puede ser la forma más eficaz en el manejo de especies invasoras porque permite evitar nuevas invasiones. Esta estrategia preventiva es eficaz si se centra en especies con alto potencial invasor sin restringir la libertad personal o de actividades comerciales. Un paso importante es establecer "listas de especies prohibidas" clasificando las especies que no deben ser introducidas debido a su impacto ambiental potencial en el país. Este impacto potencial será mayor si estas especies invasoras invaden en países con climas similares. Mostramos como caso de estudio las especies de plantas superiores que no han sido introducidas en Venezuela pero que tienen alto potencial de invadir y estimamos la distribución potencial de estas especies en el país, si éstas llegasen a ser introducidas. La metodología seguida parte del supuesto de que la primera evidencia del potencial invasivo de una especie en una región es que ésta haya sido reportada previamente como invasora en alguna región con clima similar. Para estimar la similitud climática entre Venezuela y estos países se siguió una metodología de cinco fases: i) comparación de listas, ii) obtención de registros de presencia, iii) determinación de la similitud climática, iv) selección de especies según la similitud climática, y v) realización y evaluación de modelos de distribución. Como resultado obtuvimos dieciocho especies que fueron categorizadas como especies prohibidas debido a que presentan muy alto, alto o medio riesgo de invadir en Venezuela y por lo tanto, su introducción al país debería estar prohibido. El 33% de estas especies son de valor medicinal y ornamental, el 28% son usadas exclusivamente para fines medicinales, el 22% son de uso ornamental exclusivamente y solo 6% de las especies tienen uso agrícola y agroforestal. La metodología utilizada en este trabajo es inédita en América Latina y promete convertirse en referencia para ser utilizada en otros países de la región.

Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas y Ministerio para el poder popular del ambiente (Venezuela). Ileana Herrera agradece a la Universidad Agraria del Ecuador.

90) VARIACIÓN DEL TAMAÑO (LARGO-ANCHO) Y DENSIDAD ESTOMÁTICA EN UN GRADIENTE ALTITUDINAL EN NOTHOFAGUS NITIDA.

Rojas F, Diaz S[1], Hinojosa L F[1], [1]Ecologia, Ciencias, Universidad de Chile.

Las características morfológicas de los estomas han sido usadas como proxies paleo-ambiental. La densidad estomática y el tamaño estomático (largo-ancho) se han relacionado con variables ambientales como temperatura, precipitación y altitud, debido a la compensación entre la pérdida de agua por evotranspiración y la absorción de CO_2 (regulación del tamaño y cantidad de estomas en función de las variables ambientales). Para algunas especies se ha descrito que el tamaño estomático se relaciona de manera directa con la altitud. Para otras especies la densidad estomática se relaciona de manera directa con las precipitaciones, pero otros estudios señalan que se relaciona inversamente con la precipitación y temperatura. Por lo cual se ha visto que estas relaciones son específicas para cada especie. Actualmente no se ha estudiado la relación entre estos parámetros estomáticos y la altitud para *Nothofagus nítida*, lo que será evaluado en el presente estudio. Previamente se ha encontrado para esta especie una relación positiva entre el tamaño de estomas y las temperaturas mínimas, por lo cual se esperaría que mayor altitud se relacione con un menor tamaño de estomas. Para ello se medirá la densidad estomática, largo y ancho de estomas de muestras de distintos sitios del centro sur de Chile que van desde 10 msnm hasta 1081 msnm.

Agradecimientos: FONDECYT 1150690; ICM MINECOM P05-002 IEB, PFB-23.

92) IMPORTANCIA DE LOS INDELS EN LA CLASIFICACIÓN INFRAGENÉRICA DE *COPIAPOA* BRITTON & ROSE (CACTACEAE)

Peña C M[1,3], Ruiz E[2], Guerrero P C[3], [1]Departamento de Ciencia y Tecnologia vegetal, Campus Los Angeles, Universidad de Concepción.[2]Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[3]Laboratorio BIOMAS, Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

Copiapoa es un género de cactáceas endémico de Chile, presente entre las regiones de Antofagasta y Coquimbo. En la actualidad se reconoce que el género está formado por 32 especies y 5 subespecies, divididas en 4 secciones: *Pilocopiapoa, Mammillopoa, Cinerei, Copiapoa* y *Echinopoa.* Esta clasificación fue realizada sobre la base de 3 marcadores cloroplastidiasles y datos morfológicos. Sin embargo, las relaciones filogenética dentro de cada sección, no están del todo resueltas. En este estudio se realizó una análisis complementario de 13 regiones del genoma de *Copiapoa* con el fin de aclarar las relaciones aún no resueltas. Los marcadores utilizados fueron 3 de ADN nuclear (ITS, *phyC*, PEPC) y 10 cloroplastidiales (*rpl16* intron, rpl*16-rps3*, *petL-psbE*, psbJ-*petA*, *trnS-trnfM*, psbD-*trnT*, *trnS-trnG*, *matK-trnK*, *psbA*-3⍰*trnK*, *ndhF-rpl32*), los cuales se escogieron por su eficacia para establecer relaciones filogenéticas a nivel infragenérico, en diversos grupos de angiospermas. Los caracteres generados en el análisis de estas secuencias son de tres tipos: sustituciones, reareglos e indels. En el caso de *Copiapoa en* la mayoría de estos marcadores, las tasas de sustituciones fueron extremadamente bajas y no se observaron reareglos. Sin embargo, tres de ellos *rpl16-rps3*, *trnS-trnG*, *ndhF-rpl32*, presentan indels de gran tamaño que varían entre los 100 y 650 pb. Esta información es relevante debido a que los indels han demostrado ser útiles en la circunscripción de linajes y definición de tendencias evolutivas, por lo que al ser codificados e incluidos en los análisis filogenéticos han ayudado a clarificar las relaciones dentro de clados poco resueltos. Se discute en relación a la utilidad de estos indels en el género *Copiapoa*.

Estudio financiado por: SRF, International Association for Plant Taxonomy, CONICYT, MECESUP-UCO0708, Minera Relincho Copper S.A. y FONDECYT 1160583

Estudio financiado por: SRF, International Association for Plant Taxonomy, CONICYT, MECESUP-UCO0708, Minera Relincho Copper S.A. y FONDECYT 1160583

94) **VARIACIÓN ECOTÍPICA EN UN GRADIENTE LATITUDINAL EN LÍQUENES: CAMBIOS FENOTÍPICOS Y GENOTÍPICOS EN *FOLLMANNIA ORTHOCLADA* (TELOSCHISTACEAE, ASCOMYCOTA LIQUENIZADA)**

Vargas-Castillo R[1], Pino Riveros P[1], [1]Herbario Federico Johow, Departamento de Biología, Ciencias Básicas, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación.

Follmannia orthoclada es una especie endémica de la zona costera del Norte de Chile, en particular de los contrafuertes occidentales de la Cordillera de la Costa. La especie es el único representante conocido del género *Follmannia*, un reciente segregado del género *Caloplaca* s.l. Evolutivamente, la datación de este taxa evidencia su aparición en paridad al levantamiento de la Cordillera de la Costa, entre 25-15 ma. A lo largo de su gradiente latitudinal se evidencian variaciones en su constitución fenotípica, donde a medida que aumenta la regularidad de las precipitaciones hacia el sur de su distribución, los talos presentan una mayor regularidad en su morfología, así como una consistencia en su condición crustosa, con la existencia de hábitos subfruticosos hacia su distribución norte en la zona alta del farellón costero. Genéticamente se presenta un aislamiento de las poblaciones a lo largo de su gradiente latitudinal, indicativo de un reducido flujo génico entre las poblaciones, lo que se deriva en una concordancia entre la variación morfológica y haplotípica. Este patrón sería indicativo de un proceso de divergencia entre las poblaciones, lo que podría derivar en un aumento de la riqueza de especies dentro del género, así como de procesos locales de adaptación.

DIUMCE MYS II 17-2014

96) RECONSTRUCCION FILOGENÉTICA DE LA TRIBU ASTEREAE (ASTERACEAE) EN AMÉRICA.

Rosas M R[1,2], **Guerrero P C[1,2]**, [1]Laboratorio BIOMAS Departamento de Botánica Universidad de Concepción.[2]IEB Instituto de Ecología y Biodiversidad. (Sponsored by Laboratorio BIOMAS, Departamento de Botánica, Universidad de Concepción. Instituto de Ecología y Biodiversidad.)

La familia Asteraceae es un grupo monofiletico fuertemente sustentado con trece subfamilias y 43 tribus. La tribu Astereae es la segunda mayor tribu de la familia (222 géneros y 3.100 especies) y estudios moleculares apoyan su monofilia y un origen africano. En Chile la tribu tiene 185 especies y 22 géneros clasificados en 9 subtribus. Frente a este escenario nos planteamos las preguntas de investigación ¿están las especies chilenas en clados monofiléticos recíprocos?, ¿la agrupación tradicional de subtribus corresponden a linajes monofiléticos? Para responder a estas interrogantes realizamos un estudio de filogenia molecular de datos de secuencias nucleotídicas usando el marcador (ITS). Las secuencias de ADN fueron descargadas de GeneBank (NCBI) donde seleccionamos al menos una especie para cada género presente en América. La matriz resultante incluyó 111 especies y 675 caracteres. Usamos como outgroup una especie de la tribu Anthemidae y una de la tribu Gnaphalideae. A las secuencias se les aplicó test de neutralidad D de Tajima (Dnasp) y test de Xia para evaluar la saturación de sustituciones. La reconstrucción filogenética fue realizada usando inferencia Bayesiana. Nuestros resultados muestran claramente que las especies chilenas de la tribu Astereae son polifiléticas y, entre ellas, destaca un clado basal Paleo Sudamericano que incluye a *Chiliotrichum, Nardophyllum* y *Lepidophyllum* los tres géneros pertenecientes a la subtribu Hinterhuberinae (que aparece polifilética en nuestro análisis). En las ramas superiores se observan una serie de politomías donde se posicionan el resto de las especies chilenas en al menos 7 linajes independientes en lo que serían una serie de dispersiones independientes de América del Norte hacia América del Sur. A la luz de nuestros resultados, la taxonomía a nivel de subtribu actualmente utilizada debería ser revisada, como reconocer el clado Paleo Sudamericano en una tribu única. Otras modificaciones deben esperar por la ampliación de la base de datos con nuevas secuencias moleculares, especialmente en las especies sudamericanas.

Financiado por PFB-23 y FONDECYT 3130456 y 1160583

98) PRIMERA COLECCIÓN DE *MYXOMYCETES* EN CHILE

Sepúlveda-Valenzuela G A[1], Pérez-Orellana D C[1], [1]Área de Botánica Museo Nacional de Historia Natural.

Se dará a conocer el artículo en desarrollo sobre la colección de *Myxomycetes* del Herbario SGO. El objetivo principal de este trabajo consiste en generar un listado de las colecciones de *Myxomycetes* ingresadas al museo en el contexto de la conformación de la primera colección oficial de *Myxomycetes* en Chile del Herbario SGO perteneciente al Museo Nacional de Historia Natural de Chile (MNHN). Para ello, se consideró tanto las colecciones ingresadas recientemente por los autores de este artículo, como también aquellas colecciones que fueron ingresadas anteriormente. Se describe la representatividad a lo largo de Chile de la colección, dando cuenta de la presencia geográfica de las especies ingresadas. Además se propone un protocolo de ingreso para las fructificaciones y se incluyen metodologías para el estudio, colecta y ordenamiento de colecciones perteneciente al área curatorial del Área de Botánica del MNHN.

100) LIQUENES ASOCIADOS A ECOSISTEMAS FRUTALES EN LA REGION DE MAULE.

Pereira I[1], Errázuriz I[2], Sandoval C[3], Faúndez V[3], Ramirez-Cáceres G E[3], Peñailillo P[1], [1]Instituto de Ciencias Biológicas Universidad de Talca.[2]Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca.[3]Núcleo Milenio. Centro en Ecología molecular y Aplicaciones evolutivas en Agrosistemas, Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca.

Los huertos agrícolas constituyen un buen ejemplo para estudiar cómo las comunidades de líquenes pueden colonizar estos ambientes y cómo varía la composición de líquenes durante la vida de un cultivo, dependiendo de factores antropogénicos (poda, aplicación de plaguicidas y fertilizantes). Se sabe que ciertos líquenes en estos ecosistemas, se ven beneficiados por la llegada de luz y la humedad ambiental debido a podas. También es conocido que ciertas comunidades, se adaptan a la aplicación de plaguicidas y fertilizantes. Dado que ni en el país ni en la región, se cuenta con registros de líquenes en estos ambientes, se propone en este estudio, a) conocer la riqueza de líquenes asociadas a dos cultivos frutales y b) relacionar el pH de las cortezas con la riqueza asociada a éstos. Para ello, se registrará, la riqueza de líquenes asociada a dos cultivos: manzano y vid, en dos huertos localizados en distintos puntos, para cada especie. En cada huerto, en 15 ejemplares, se registrará la diversidad teniendo en cuenta su posición en éstos. 2 gr de cortezas de cada ejemplar, serán obtenidos para la determinación del pH. Entre los resultados preliminares, en huertos de manzano, destaca la presencia de líquenes frutícolosos: *Ramalina ecklonii*, *Teloschistes chrysopthalmus*, entre los foliosos, *Xanthoria polycarpa*, *Parmelia* sp., y entre los crustáceos destaca *Haematomma sp.* y *Lecanora expallens,* en cambio, en huertos de vid destacanformas fruticulosas: *Teloschistes chrysophthalmus, Usnea* sp*.,* entre las foliosas *Hypogymnia* sp*., Physcia* sp.y entre las formas crustáceas *Caloplaca* sp., *Candelariella* sp., entre otras.

Proyecto financiado por PIEI: Química y Bio-orgánica en Recursos Naturales e Instituto de Ciencias Biológícas

102) ESTABLECIMIENTO *IN VITRO* Y MICROPROPAGACIÓN DEL ARBUSTO NATIVO *LEPTOCARPHA RIVULARIS,* QUE POSEE PROPIEDADES MEDICINALES.

Dorta F[1], Ramírez I[1], Seeger M[1,2], Montenegro I[1,3], [1]Centro de Biotecnología Dr. Daniel Alcalay Lowitt Universidad Técnica Federico Santa María.[2]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Facultad de Química, Universidad Técnica Federico Santa María.[3]Escuela de Obstetricia y Puericultura, Facultad de Medicina, Universidad de Valparaíso.

Leptocarpha rivularis o "palo negro" es una planta endémica del sur de Chile perteneciente a la familia Asteraceae. Es un arbusto perenne de hasta 2 metros de altura, con flores amarillas y hojas de 10 cm con bordes dentados. Extractos de esta planta tienen propiedades medicinales atribuibles a sus metabolitos secundarios como flavonoides y terpenos. Su aplicación forma parte de la medicina ancestral Mapuche, cobrando gran relevancia como un poderoso anticancerígeno por contener el metabolito leptocarpina. Nuestra investigación tiene como objetivo el establecimiento *in vitro* de *Leptocarpha rivularis* para obtener material vegetal de manera sustentable y bajo condiciones controladas. Estacas recolectadas en terreno desde la zona de Temuco fueron tratadas con 2,5 g/L de captan, sometidas a concentraciones y tiempos variables de desinfección con etanol, cloro comercial y antioxidantes y puestas en frascos con distintas concentraciones de medio basados en Murashige and Skoog (MS). Una vez estandarizadas las condiciones de desinfección, las estacas libres de contaminación (95%), se repicaron en medios con hormonas en concentraciones variables. Se estableció la propagación de plantas robustas y con raíces, las que pudieron desarrollarse en maceteros con tierra. Nuestros resultados representan el primer trabajo que describe la propagación de *Leptocarpha rivularis* en condiciones *in vitro* y abren la posibilidad de su utilización sustentable a través de la micropropagación. El protocolo desarrollado puede ser una herramienta biotecnológica útil para la conservación de otras especies nativas.

Los autores agradecen al Centro de Biotecnología Dr. Daniel Alkalay Lowitt y a la Dirección de Investigación de la Universidad de Valparaíso su apoyo para la realización de este trabajo.

104) DIVERSIDAD TAXONÓMICA DE LAS PLANTAS SILVESTRES COMESTIBLES EN ÁREAS URBANAS DE LA REGIÓN DE VALPARAÍSO, CHILE

Cordero S[1], Carvallo G O[1], [1]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. (Sponsored by Gaston Carvallo Bravo)

Las plantas silvestres comestibles (PSC) son aquellas especies utilizadas como alimento que no han sido domesticadas ni cultivadas y que habitan comunidades nativas o sitios perturbados desde donde se pueden extraer directamente. En general las PSC se encuentran asociadas a sitios urbanos y son mayoritariamente exóticas. Debido a que existen pocos estudios sobre las PSC en nuestro país, se caracterizó su diversidad taxonómica y origen (nativo/exótico) en sitios urbanos de Chile central, siguiendo una gradiente costa-interior. Específicamente, dentro de seis núcleos urbanos, durante los años 2015 y 2016, se establecieron 270 cuadrantes de 1 m x 1 m dentro de los cuales se registraron todos los individuos de plantas herbáceas. Esta información permitió establecer la diversidad de PSC para las siguientes localidades: Valparaíso-Viña del Mar, Quilpué-Villa Alemana, Placilla-Curauma, Quillota, La Calera y Limache. Un total de 75 especies de plantas herbáceas fueron registradas en sitios urbanos, 55 de las cuales (73%) correspondieron a especies comestibles; las PSC detectadas fueron principalmente especies exóticas (98% del total). Las familias más representadas entre las PSC fueron Asteraceae (14 especies), Brassicaceae (6) y Fabaceae (5) con *Chrysanthemum coronarium* L. (18.4% del total de individuos registrados), *Matricaria chamomilla* L. (16.4%) y *Oxalis pes-caprae* L. (13.3%) como las más abundantes. No detectamos un gradiente de riqueza de PSC entre la costa y el interior, siendo Quilpué-Villa Alemana la localidad con mayor riqueza de PSC (34 especies), seguido por Valparaíso-Viña del Mar (30 especies); las localidades con menor número de PSC fueron Limache (22 especies) y Quillota (21 especies). La riqueza de PSC podría responder a otros factores no incluidos en nuestro estudio tales como densidad urbana, conectividad de las ciudades a través de vías de transporte o manejo de la flora de las ciudades (ej. poda, uso de herbicidas). La información generada en este estudio aporta a conocer la composición de especies de la flora urbana, permitiendo su valoración dado su potencial uso como alimento.

Agradecimientos a: FONDECYT INICIACIÓN 11150301 y PUCV 122.741/2016

SESION PANELES II

1) DESARROLLO DE UNA FORMULACIÓN TÓPICA EN BASE A HOJAS DE *DRIMYS WINTERI* PARA EL TRATAMIENTO DEL FIBROEDEMA GEOIDE MUCOSO SUBCUTÁNEO

Quijada P[1], [1] Farmacognosia, Quimica y Farmacia , Universidad de Concepción.

El fibroedema Geoide Mucoso Subcutáneo, es un trastorno dérmico que afecta a un gran porcentaje de la población del mundo. Dado el mecanismo de acción descrito para extractos de *Drimys winteri*, éste podría ser útil en esta afección, constituyendo una alternativa tópica más económica y menos invasiva. Esta especie nativa contiene polifenoles y terpenos. Entre los terpenos, destaca el sesquiterpeno drinámico llamado poligodial. El metabolismo lipídico esta mediado, entre otros fenómenos bioquímicos, por la activación de los receptores TRPV1 de los adipocitos, promoviendo la oxidación y apoptosis, entre otros mecanismos. Se ha reportado que sobre los receptores TRPV1 el poligodial, interactúa como agonista. El objetivo de este estudio fue desarrollar una formulación tópica en base a *Drimys winteri* para el tratamiento del fibroedema geoide mucoso subcutáneo. Se obtuvieron extractos por maceración y PHWE. Se seleccionó el mejor extracto en base al marcador químico poligodial. Luego, se elaboró el gel en base a hidroxietilcelulosa Y se efectuó un estudio piloto para corroborar la eficacia de la formulación, a través de fotografías.

3) EFECTOS CARDIOVASCULARES DEL TRATAMIENTO AGUDO CON FENITOÍNA EN RATAS EN NORMOXIA E HIPOXIA AGUDA

Pino G N[1], Alcayaga J[1], [1]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Las células miocárdicas presentan una corriente de Na^+ persistente (I_{NaP}), que puede ser bloqueada por fenitoína (PHT). Considerando el uso de PHT como antiepiléptico, resulta relevante estudiar los efectos de esta droga a nivel agudo sobre variables cardiovasculares, en normoxia y frente a cambios en la fracción de oxígeno inspirado (F_iO_2). Se utilizaron ratas macho Sprague-Dawley (190-280 g, n= 9), las cuales fueron anestesiadas (pentobarbital, 60 mg/kg) y colocadas en una manta termorregulada durante la cirugía. Se canuló la traquea para aplicar los cambios de F_iO_2, y se canuló la arteria femoral para medir presión arterial (Pa) y derivar la frecuencia cardíaca (Fc). Se registraron las respuestas en normoxia y frente a cambios en la F_IO_2 (0 - 100 %) por periodos de 30 s, grabándose las señales digitalizadas a 2 kHz (DataQ Instruments) para posterior análisis. Luego de un registro en condiciones basales, se aplicó una dosis aguda de PHT (50 mg/kg, ip) y se registraron nuevamente las variables luego de 30 a 50 minutos. Los animales fueron sacrificados al final del experimento (pentobarbital 120 mg/kg). En normoxia, el tratamiento agudo con PHT disminuyó significativamente la Pa media ($P < 0,05$; test t), la Pa diastólica ($P < 0,05$; test t) y la Fc ($P < 0,05$; test t). No se observaron cambios en respuesta a las modificaciones de la F_IO_2 luego del tratamineto con PHT ($P > 0.05$; ANOVA dos vías), aunque los valores absolutos fueron significativamente menores para la F_C ($P < 0.01$; ANOVA dos vías). Estos datos muestran que el uso agudo de PHT tiene significativos efectos cardiovasculares en normoxia, sin alterar los cambios en las respuestas a hipoxia e hiperoxia. Estos efectos posiblemente estén relacionados al bloqueo de la I_{NaP} por PHT en las células del miocardio.

FONDECYT 1130177

5) DETERMINACIÓN DEL PAPEL DE LA ISOFORMA BETA DEL RECEPTOR DE GLUCOCORTICOIDES (GRβ) EN LA AUTOFAGIA

Dassonvalle J[1], Farías M B[1], Sepúlveda-Quiñenao C[1], Rodríguez J M[1], Troncoso R[1,2], [1]Laboratorio ECRAN, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile.[2]Advanced Center for Chronic Diseases (ACCDiS) Universidad de Chile.

Introducción: Los Glucocorticoides son hormonas esteroidales con diversas funciones fisiológicas. Sus acciones son mediadas por el receptor de GC (GR) en donde destacan las isoformas GRα y GRβ. GRα se relaciona con las acciones canónicas de los GC, mientras que GRβ posee actividad transcripcional intrínseca y actúa como dominante negativo de GRa. Por otro lado, tenemos la autofagia que es un proceso catabólico que involucra la degradación de componentes celulares manteniendo los niveles energéticos estables promoviendo así el metabolismo y la supervivencia celular. **Objetivo:** estudiar el papel del GRβ en la regulación de la autofagia. **Metodología:** Se sobreexpresó la isoforma GRb en las líneas celulares HeLa y U2OS y se evaluó la expresión de genes relacionados con la autofagia por RT-qPCR, se determinó los niveles proteicos de LC3, p62 y Beclin-1, y se evaluó flujo autofágico. También se evaluó la formación del patrón de la proteína GFP-LC3 mediante microscopia de epifluorescencia. Se utilizó el ARN de interferencia para Beclin-1 para evaluar la dependencia del proceso autofágico. **Resultados:** la sobreexpresión del GRβ produjo aumento en los niveles de LC3-II en las células HeLa y U2OS, sin embargo, no produjo cambios significativos en los genes relacionados con autofagia y no aumentó el flujo autofagico. **Conclusión:** El receptor GRβ aumenta los niveles de LC3-II sin tener efectos sobre el flujo autofágico lo que sugiere que este efecto es independiente de la modulación de la autofagia.

Financiado por FONDECYT 11130285 y FONDAP 15130011.

7) SUCRALOSA INDUCE MOVILIZACIÓN INTRACELULAR DE CA^{2+} EN LA LÍNEA CELULAR DE MUSCULO ESQUELÉTICO C2C12.

Monsalves-Alvarez M[1], Rodríguez J M[1], Sepúlveda C[1], Sepúlveda-Quiñenao C[1], Troncoso R[1,2], [1]Laboratorio ECRAN, Instituto de Nutrition y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile.[2]Advanced Center for Chronic Diseases (ACCDiS) Universidad de Chile.

Introducción: La Sucralosa es un edulcorante no calórico 600 veces más potente que el azúcar. Su reconocimiento es posible gracias a un heterodimero compuesto por dos receptores de clase C acoplado a proteínas G (GPCRs) T1R2/T1R3 presente en las papilas gustativas. Sin embargo, se ha descrito su presencia en diversos órganos extraorales con funciones tales como la modulación de Ca^{2+} en el páncreas, la cual lleva a incremento en la secreción de insulina. Debido a que el Ca^{2+} juega un rol fundamental en la contracción muscular y el transporte de glucosa, el presente trabajo busca elucidar la presencia y el efecto de la Sucralosa en la movilización de Ca^{2+} intracelular. **Metodología:** En el presente estudio investigamos 1) la expresión del receptor T1R2 y T1R3 en células C2C12 y en músculos de ratón (Tibial anterior, Gastrocnemio y Soleo) mediante qPCR, 2) los efectos de la estimulación de miotubos con Sucralosa e Histamina en la respuesta de Ca^{2+} citoplasmático utilizando Fluo-4 y 3) el efecto de la inhibición del receptor T1R2/T1R3 con Lactisol sobre los movimientos de Ca^{2+}. **Resultados:** El mRNA del receptor fue identificado tanto en la línea celular C2C12 como en los músculos TA, GA y SOL mediante qPCR. Sucralosa aumenta la movilización de Ca^{2+} intracelular. El inhibidor del receptor Lactisol disminuye el incremento de Ca^{2+} inducido por sucralosa. **Conclusión:** El receptor T1R2/T1R3 está presente en musculo esquelético, el cual es sensible a la acción de edulcorantes, sugiriendo que los edulcorantes podrían afectar tener efectos por directos en la función muscular.

Financiado por FONDECYT 11130285 y FONDAP 15130011.

9) PALMITATO INDUCE FENOTIPO DE CÉLULAS TRONCALES CANCERÍGENAS *(STEMNESS)* EN LÍNEA CELULAR DE CÁNCER HEPÁTICO HEPG2 A TRAVÉS DE LA ACTIVACIÓN DE LA VÍA DE SEÑALIZACIÓN NOTCH1

Fuentes C[1], Rodríguez J M[1], Sepúlveda-Quiñenao C[1], Hirsch S[1], Troncoso R[1,2], [1]Laboratorio ECRAN, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile.[2]Advanced Center for Chronic Diseases (ACCDiS) Universidad de Chile.

Introducción: El aumento de ácidos grasos saturados en la circulación sanguínea se asocia con obesidad, la cual es factor de riesgo de carcinoma hepatocelular (HCC). Estudios epidemiológicos muestran asociación positiva de la grasa saturada con el riesgo de HCC. *In vitro*, palmitato, un ácido graso saturado, aumenta la *tumorigenicidad*mediante la inducción de *stemness*. Por otra parte, se ha demostrado que la vía de señalización Notch1 está implicada en la aparición de *stemness*. **Objetivo:** Estudiar el efecto del palmitato en inducir fenotipo tipo *stemness* en células cancerígenas HepG2 a través de la activación de la vía de señalización Notch1. **Metodología:** Estudio experimental *in vitro* utilizando células HepG2 tratadas con palmitato: 0, 50, 100 y 200 µM por 24 horas. Se evaluó acumulación de grasa en las células con tinción oil-red-o. Se midió expresión de genes NANOG, SOX2 y POUF5 para identificar células madres cancerosas y se evaluó la activación de la vía de señalización de Notch1 a través de la expresión de NICD y HES1. Para evaluar el papel de NOTCH1 se utilizó el inhibidor químico DAPT. **Resultados:** Palmitato induce acumulación de grasa en la línea celular HEPG2 y altera la activación de la vía de señalización de Notch1 induciendo la expresión de los genes de *stemness* NANOG, SOX2 y POUF5. **Conclusión:** Los resultados sugieren que Notch1 esta asociado con la inducción de un fenotipo de tipo stemness, donde la inhibición de la vía Notch1 podría ser un blanco terapéutico para el tratamiento de HCC.

Financiado por FONDECYT 11130285 y FONDAP 15130011

11) EL PAPEL DEL SISTEMA ENDOCANABINOIDE EN LOS EFECTOS DE LOS GLUCOCORTICOIDES.

Recabarren P[1], Díaz F[1], Castillo V[2], Sepúlveda-Quiñenao C[1], Rodríguez J M[1], Llanos M[2], Troncoso R[1,3], [1]Laboratorio ECRAN, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile.[2]Nutrición y Regulación Metabólica, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile.[3]Advanced Center for Chronic Diseases (ACCDiS) Universidad de Chile.

Introducción: La obesidad y sus trastornos metabólicos asociados resultan de la desregulación hormonal, en parte por los glucocorticoides y el sistema endocanabinoide. Es conocido que los glucocorticoides, además de sus efectos en la atrofia muscular y la señalización de su insulina, aumentan la producción de endocanabinoides. También, los endocanabinoides han sido asociados a obesidad abdominal y diabetes. Sin embargo, se desconoce si los glucocorticoides son capaces de regular la expresión de los receptores de endocanabinoides (RCB1 y RCB2), y si los efectos en la atrofia muscular o señalización de insulina son mediados por endocanabinoides en el musculo. **Metodología**: La línea celular de músculo esquelético de ratón C2C12 fue tratada con dexametasona y se evaluó la expresión de RCB1 y RCB2 por RT-qPCR y western blot. Además, se evaluó el efecto del agonista del RCB1 anandamida y se determinó la expresión de los genes atróficos *Atrogin* y *Murf-1* y la señalización de insulina mediante la fosforilación de Akt. **Resultados:** Se encontró un aumento significativo en la expresión de mRNA y niveles proteicos de RCB1 inducido por dexametasona. La estimulación con anandamina produjo una disminución de la señalización de insulina. Sin embargo, no tuvo efectos en la expresión de los genes atróficos. **Conclusión:** En conjunto, estos datos muestran que los glucocorticoides regulan la expresión del RCB1, y sugieren que el efecto en la señalización de insulina de los glucocorticoides estaría mediado por los endocanabinoides.

Financiado por FONDECYT 11130285 (R.T.), 1130106 (M.Ll.) y FONDAP 15130011 (R.T.).

13) ROL DE LA ISOFORMA β DEL RECEPTOR HUMANO DE GLUCOCORTICOIDES EN EL METABOLISMO DE LA GLUCOSA EN LA LÍNEA CELULAR HEPG2.

Sepúlveda-Quiñenao C[1], Dassonvalle J[1], Rodríguez J M[1], Troncoso R[1,2], [1]Laboratorio ECRAN , Instituto de Nutricion y Tecnologia de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile.[2]Advanced Center for Chronic Diseases (ACCDiS) Universidad de Chile.

Introducción: Los glucocorticoides son hormonas que regulan metabolismo de carbohidratos. El receptor de glucocorticoides (GR) tiene dos isoformas, generadas por splicing alternativo. GRα es el clásico receptor de GC, y GRβ actúa dominante negativo de GRα y tiene actividad transcripcional intrínseca. En el hígado, los GC tienen una acción gluconeogénica mediada por GRα. Sin embargo, se ha descrito que la insulina aumenta la expresión de GRβ, sugiriendo un papel de esta isoforma en el metabolismo. En este trabajo se desea determinar el rol de GRβ en el metabolismo de la glucosa. **Metodología:** Se utilizó como modelo la línea celular HepG2. Estas fueron transfectadas con plasmidios que sobreexpresan las isoformas GRα y GRβ, y posteriormente fueron estimuladas con insulina. Se determinó el mRNA de PDK4, G6Pasa, GLUT1, GLUT2, GLUT4, HK, GBE y PCK2. Se evaluó la fosforilación de Akt, Captación de Glucosa y Generación de ATP. Para esto se utilizó qPCR, Western Blot y Microscopia de fluorescencia. El análisis estadístico fue *One-way Anova* y el post- análisis Test de Tuckey. **Resultados:** GRβ disminuye significativamente la expresión de G6Pasa, PCK2 y GLUT1 independiente de insulina, mientras que de forma dependiente de insulina aumenta significativamente HK, GBE, PDK4, GLUT2 y GLUT4. Además, aumenta la fosforilación de Akt, captación de glucosa y generación de ATP. **Conclusión:** Estos resultados sugieren que GRβ regula el metabolismo de la glucosa. GRβ puede actuar como dominante negativa de GRα y potencia la acción de la insulina.

Financiado por FONDECYT 11130285 y FONDAP 15130011.

15) ALTA D-GLUCOSA AFECTA LA ADHESION Y EL PORCENTAJE DE METILACIÓN GLOBAL DE CÉLULAS PROGENITORAS DE ENDOTELIO HUMANO.

Fernández Garcés P[1,2], Schnake Mamut N[2], Rivas Valdés F[2], Gutierrez Gallegos S[2], [1]Tecnología Médica , Ciencias de la Salud , Universidad San Sebastian .[2]BIOQUIMICA Y Biologia Molecular, Ciencias Biológicas , Universidad de Concepción .

Las Células Progenitoras de Endotelio Humano (hEPC) son células madres adultas que participan en el reparo y angiogénesis del tejido dañado a través de su adhesión y diferenciación a endotelio, sin embargo, se ha observado en estudios *in vitro* y en pacientes diabéticos, que la condición de alta glucosa altera el potencial de estas células para reparar la vasculatura.

En el siguiente estudio, evaluamos el efecto de la alta concentración de D- Glucosa (HCG) sobre la capacidad de adhesión de estas células a una matriz y el estado de metilación, como un posible mecanismo epigenético involucrado en esta disfunción angiogénica.

Células mononucleares provenientes de donantes voluntarios sanos, fueron cultivadas y diferenciadas a hEPCs, evidenciado a través ensayos de qPCR y citometría de flujo, en donde se evaluó la expresión de CD31 y KDR (marcadores endoteliales) y CD34 y OCT4 (marcadores característicos de células inmaduras). Posteriormente se evaluó el patrón de metilación global del ADN genómico.

Nuestros resultados preliminares indican que al cultivar las hEPC en HCG, se ve afectada la adhesión de las hEPC a una matriz y disminuye el porcentaje de metilación global de las hEPC.

Los cambios de metilación, están involucrados con la regulación de la expresión genética, por lo tanto, estos resultados pueden ayudar a explicar la alteración en la adhesión vascular observados en los pacientes diabéticos con hiperglicemia persistente.

Proyecto Fondecyt Nº 1130697 Conicyt

17) CARACTERIZACIÓN CINÉTICA DE LOS SISTEMAS MIROSINASA-SINIGRINA Y MIROSINASA-GLUCORAFANINA DE BRÓCOLI

Román J[1], Mahn A[2], [1]Doctorado en Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad Tecnológica, Universidad de Santiago de Chile.[2]Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de Santiago de Chile. (Sponsored by Patrocinador: Andrea Mahn Osses)

La mirosinasa (β-thioglucosidase glucohydrolase, EC 3.2.1.147) es una enzima presente en la familia de las *Brassicaceae* que hidroliza el enlace tioglucósido de los glucosinolatos, metabolitos secundarios azufrados, formando nitrilos, epitonitrilos, tiocianatos, o isotiocianatos, dependiendo de las condiciones de reacción (pH, temperatura, activadores). En el brócoli (*Brassica oleracea* var. *italica*) se encuentra mayoritariamente el glucosinolato glucorafanina, que al ser hidrolizado por la enzima mirosinasa, en condiciones de pH y temperatura específicos puede formar un isotiocianato sulforafano, con propiedades anticancerígenas. En esta investigación, se estudió la cinética enzimática de la mirosinasa de brócoli, usando como sustratos, un glucosinolato comercial, sinigrina (alil (2-propenil) glucosinolato) y glucorafanina (4-(metilsulfinil) butil glucosinolato), purificada de brócoli. La enzima sigue una cinética del tipo Michaelis-Menten con sinigrina (Km: 1.19[mM], Vmax: 1.18[U/min]) y con glucorafanina (Km: 1.14[mM], Vmax: 1.6[U/min]). Además, se investigó el efecto pH (2-8), temperatura (20-80°C) y activadores cloruro de magnesio (0.1mM; 1mM; 3mM) y ácido ascórbico (0.1mM; 1mM; 10mM) sobre la actividad de la enzima mirosinasa usando sinigrina como sustrato. La actividad enzimática de la mirosinasa de brócoli alcanzó su máximo a pH 3 (3.271 [U/mg de proteína]). Asimismo, el sistema mirosinasa-sinigrina alcanzó su máxima actividad a una temperatura de 30°C (0.448 [U/mg de proteína]). La actividad enzimática aumentó desde 0.527 [U/mg de proteína] a 0.620 [U/mg de proteína], al añadir cloruro de magnesio 1mM, y no se ve afectada al añadir ácido ascórbico. Este es el primer estudio donde se estudia la cinética de la enzima mirosinasa y el sustrato glucorafanina, purificados a partir de brócoli.

Financiamiento: CONICYT-FONDECYT 1130384

19) MICROSCOPÍA DE EPIILUMINISCENCIA EN VIVO: UN NUEVO MÉTODO PARA LA VISUALIZACIÓN DEL DESARROLLO VEGETAL

Jerominek M[1], Bull-Hereñu K[2], Arndt M[3], Claßen-Bockhoff R[3], [1]Institut für Spezielle Botanik, Fachbereich Biologie, Johannes Gutenberg Universität Mainz.[2]Sección Botánica Museo Nacional de Historia Natural.[3]Institut für Spezielle Botanik Johannes Gutenberg-Universität. (Sponsored by Kester Bull)

Una de los métodos más importantes para documentar la ontogenia de flores e inflorescencias es la microscopía electrónica de barrido. Sin embargo, esta técnica es destructiva y requiere de la preparación de muchas muestras e interpretación de la serie del desarrollo. Para lidiar con esta limitante hemos desarrollado una técnica sencilla y de bajo costo para observar el desarrollo de meristemas *in vivo* basado en la microscopía de epiluminiscencia. Usando esta metodología hemos observado el meristema inflorescencial de *Davidia involucrata* Baill. (Nyssaceae) durante 30 días, máximo período de observación de un mismo meristema a la fecha. Interesantemente, la secuencia de iniciacón de primordios indica un retraso en la iniciación de los primordios basales y no simultánea como sugieren las imagenes provenienes de la microscopía electrónica. Nuestras observaciones demuestran que la observación del desarrollo *in vivo* aporta una nueva visión a los procesos de desarrollo en plantas. Aparte de su potencial uso relacionado a preguntas de la morfometría y tiempos absolutos del desarrollo, esta técnica se presta para la cuantificación d el crecimiento celular en combinación a los estudios de fisiología molecular y genética del desarrollo.

Cooperación internacional Fondecyt 11150847

21) ESTUDIO DE POBLACIONES NATURALES DE MEPRAIA SPINOLAI SOMETIDOS A ALIMENTACIÓN Y AYUNO.EFECTO DE LA INFECCIÓN POR TRYPANOSOMA CRUZI EN LA SOBREVIVENCIA DEL VECTOR.

Garcia V[1], Graterol J[1], Lopez A[1], Mc Cabe A[1], Yañez F[1], Ortiz S[1], Rojo G[1], Solari A[1], [1]Programa de Biología Celular y Molecular, Medicina, Universidad de Chile.

La enfermedad de Chagas cuyo agente etiológico es el parásito Trypanosoma cruzi ,es transmitido por triatominos vectores conocidos como vinchucas.En Chile el ciclo de transmisión silvestre está mediado por vinchucas del género Mepraia,las cuales se encuentran infectadas desde Arica hasta Santiago con distintos indices tripano/triatomino.En este trabajo se muestran datos preliminares sobre el parasitismo en distintos grupos de M.spinolai y sobre el efecto patogénico,medido por sobrevivencia,que presenta T.cruzi en vinchucas sometidas a distintos esquemas de alimentación y ayuno.Cuatro grupos de aproximadamente 300 insectos cada uno ,compuestos por ninfas de los distintos estadios,se analizan individualmente en su infección o no por T.cruzi despues de ser sometidos a dos protocolos de alimentación y ayuno.Posterior a la colecta de los insectos estos se alimentan dos veces cada 4 semanas con Mus musculus no infectados con el parásito,para luego ser sometidos a periodos variables de ayuno y se evalúa sobrevivencia e infección por T.cruzi.La evaluación de infección se hace por observación microscópica de las muestras de orina/ fecas frescas.La evaluación molecular se hace con DNA extraído de la muestra del insecto mediante PCR.Como una manera de caracterizar la infección por T.cruzi se genotipifica el linaje de T.cruzi mediante sondas de DNA pertenecientes a los 4 linajes más frecuentes en Chile.Se pueden así diferenciar infecciones con un unico así como con múltiples linajes.Se puede así evaluar si las infecciones mixtas con más de un linaje del parásito contribuyen con la patogenicidad del vector.Los resultados con os distintos grupos de insectos sometidos a alimentación-ayuno se discuten respecto de la patogenicidad de T.cruzi en M.spinolai naturalmente infectados.

FONDECYT 1160080

23) CARACTERIZACIÓN POR TAXONOMÍA MOLECULAR DE NEMATODOS QUE PARASITAN TRES ESPECIES DE PECES DE LA ANTÁRTIDA CHILENA.

Arce D[1], Cardenas L[1], Valdivia I[1], [1]Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Ciencias, Universidad Austral de Chile. (Sponsored by Marie Laure Guillemin)

Actualmente, la identificación de nematodos se ha realizado principalmente por taxonomía tradicional, pero la gran similitud que existe entre las distintas especies lleva a una mala identificación, por lo que en los últimos 20 años se ha vuelto importante la utilización de taxonomía molecular para la correcta identificación de este phylum. En la antártica se ha reportado la existencia de la familia Anasikidae parasitando a miembros de la superfamilia Pinnipedia (Por ej. lobos marinos y focas), los que se infectarian través de la dieta, al alimentarse de peces Nothotenidos. El objetivo de este trabajo es determinar mediante el uso de las herramientas moleculares, si los nematodos encontrados en tres especies de peces,, corresponden a las mismas especies reportadas en Pinnipidos que habitan en la península Antártica. Para ello se colectarón ejemplares desde *Notothenia rossi*, *N. coriiceps* y *Harpargifer antarticus* obtenidos en Bahia Fildes y en Rada Covadonga en Base O' Higgins. Se caracterizaron genéticamente utilizando 3 loci de marcadores genéticos (gen 18S, Cox2 e ITS). Resultados preliminares muestran que los nematodos encontrados en estas tres especies de peces no corresponderían a los registrados en Pinnipidos que habitan en la península antártica, revelando una mayor diversidad de parásitos que la reportada hasta la fecha. Proyecto INACH RT-2214

25) GENOTIPIFICACIÓN DE LA REGIÓN ITS2 COMO UNA HERRAMIENTA PARA LA AUTENTIFICACIÓN DE MATERIALES VEGETALES DE INTERÉS COMERCIAL EN CHILE

Gómez-Saavedra V[1], Carreño P[1], Escobar M[1], Irarrázabal D[1], Rubio C[1], Weinsten-Oppenheimer C[1], [1]Laboratorio de la Farmacopea Chilena, Farmacia, Universidad de Valparaíso. (Sponsored by Caroline Ruth Weinstein Oppenheimer)

A nivel mundial el mercado de productos derivados de plantas supera los US $83 billones, dentro del cual Chile no es ajeno, ocupando el octavo lugar como proveedor de hierbas medicinales. Uno de los retos primordiales para asegurar la calidad del material vegetal de partida es su correcta identificación. Existe un gran número de técnicas farmacopeicas para la identificación, sin embargo muchas de ellas son complejas y requieren de una elevada experiencia. Bajo estas condiciones, la genotipificación puede ser una poderosa herramienta. La genotipificación consiste en la determinación de las secuencias de una o más regiones estandarizadas del ADN, que permite generar un código único. El objetivo del presente estudio fue evaluar la genotipificación como una herramienta de autentificación para tres materiales vegetales de relevancia comercial (*Peumus boldus*, *Matricaria recutita* y *Origanum vulgare*). El ADN fue extraído mediante un kit comercial, se genotipificó el gen espaciador transcrito interno (ITS2), gen que presenta una alta variabilidad y que permite destinguir entre especies estrechamente relacionadas.A través de la técnica de PCR se amplificó este intrón y posteriormente se secuenció utilizando un secuenciador automático. Las secuencias obtenidas permitieron autentificar los tres productos vegetales. En consecuencia, la genotipificación de ITS2 es una excelente herramienta para complementar las técnicas convencionales de identificación de especies vegetales. Innova Chile 14BPC0428527

27) CORTISOL MODULA LA EXPRESIÓN DE NFKB E IKBα A NIVEL TRANSCRIPCIONAL Y TRADUCCIONAL EN CÉLULAS SHK-1 DE *SALMO SALAR*

Perez E[1], González-Stegmaier R[1], Figueroa J[2], Kausel G[2], Monras M[1], Enríquez R[1], Romero A[1,3], [1]Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile.[2]Instituto de Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.[3]INCAR, Valdivia, Interdisciplinary Center for Aquaculture Research.

En mamíferos, los glucocorticoides modulan la expresión y activación de NFkB e IkBα a través de su receptor GR. En este trabajo, se evaluó el efecto de cortisol en células SHK-1 de *S. salar*, realizando una cinética de expresión de NFkB e IkBα utilizando 150 ng/ml de la hormona. Los resultados obtenidos muestran que cortisol aumenta la expresión de IkBα en 3 y 6 veces a 1 y 24 h y para NF-kB, 2 y 4 veces de aumento a 3 y 24 h. Paralelamente, NF-kB también fue inmunodetectado mediante W. Blot, mostrando un aumento de 7 veces de expresión a las 6 h post-tratamiento con cortisol 5 ng/ml. A su vez, 150 ng/mL de la hormona, produjeron una disminución de 5 veces de la proteína. Más aún, cortisol (150 ng/mL) tiene una activa participación en la fosforilación de IkBa medido por W. Blot, lo cual también se observa con LPS y Flagelina. Estos resultados sugieren que cortisol modularía la expresión de ambas moléculas, tanto a nivel de transcrito y del producto proteico de NFkB e IkBα.

Fondecyt 1141006 y Fondap 15110027.

29) VARIACIÓN MORFOLÓGICA ENTRE DIPLOIDES, MOSAICOS Y TRIPLOIDES DE *LIOLAEMUS CHILIENSIS* (SAURIA: LIOLAEMIDAE)

Araya-Donoso R[1], Véliz D[1], Lamborot M[1], Vidal M[2], [1]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[2]Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío.

Liolaemus chiliensis, especie de amplia distribución geográfica en Chile, es única en vertebrados por presentar algunas poblaciones con hembras Diploides (2n), Triploides (3n) y Mosaicos (2n/3n) y con machos Diploides o Mosaicos, cuya meiosis produce gametos euploides no reducidos (2n) y reducidos (n).Con objeto de evaluar las consecuencias evolutivas de la poliploidía, analizamos la variabilidad morfológica de 103 adultos de *L. chiliensis* con distintas ploidías y diferentes zonas geográficas (Norte, Central y Sur), mediante morfometría tradicional y geométrica para visualizar las diferencias de forma y tamaño en esta especie. Los resultados permitieron observar que *Liolaemus chiliensis* es morfológicamente variable, siendo posible detectar dimorfismo sexual para algunas características en individuos de la zona central (entre los ríos Maipo y Rapel), patrón ausente al norte o sur de la distribución. Sorprende el fenotipo intermedio en hembras triploide y machos mosaico contrastando con machos y hembras diploides. Estos resultados forman parte de un contexto general, donde los estudios se complementarán con otros marcadores independientes. Sin embargo, se destaca la importancia de los análisis de morfometría geométrica para dilucidar las características funcionales de los organismos poliploides.

31) PERFILES DEL CONTENIDO DE PESTICIDAS EN MIELES Y CERAS CHILENAS PARA LA DETECCIÓN DE SITIOS APROPIADOS PARA LA APICULTURA.

Mejias E[1], Garrido T[2], [1]Dirección de Investigación y Desarrollo Académico, VRAC Vicerrectoria Académica, Universidad Tecnológica Metropolitana.[2]Departamento de Química Inorgánica y Analítica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

En Chile, la miel se produce a partir de especies nativas que le otorgan interesantes propiedades biológicas debido a la presencia de compuestos fenólicos heredados de la fuente floral específica. No obstante, en algunos casos las colmenas se localizan en lugares próximos a cultivos agronómicos pudiendo existir una contaminación potencial con residuos de pesticidas. Esto afecta la salud de las abejas y modifica la composición de las mieles producidas.

El objetivo de este trabajo fue analizar mieles y ceras de la Región de Los Lagos – Chile, mediante HPLC-MS/MS y GC-MS/MS para la detección y cuantificación de pesticidas de uso agronómico. Así mismo, mediante métodos colorimétricos, se determinó la concentración de compuestos fenólicos hidrosolubles disponibles (Folin Ciocalteau) y su actividad antioxidante (FRAP). El perfil de compuestos fenólicos de las muestras fue obtenido mediante espectros de masas por medio de DSA-TOF-MS.

En este trabajo se discuten los resultados de la cuantificación de los residuos de pesticidas presentes en la composición de mieles y ceras, con el fin de establecer un patrón de distribución de estos contaminantes al interior de las colmenas. Del mismo modo, los resultados por la técnica DSA-TOF-MS permitieron obtener un patrón de compuestos fenólicos consistentes con la actividad antioxidante descrita para estas mieles, permitiendo definir zonas geográficas idóneas para la producción de miel con valor biológico libre de residuos.

Proyecto FONDEQUIP EQM 130119

Proyecto VRAC-UTEM L115-11 a Dr. Enrique MEJIAS

33) BARCODE DE PINGUINOS: UNA REVISION DE LA DIVERGENCIA INTRA E INTERESPECIFICA.

Noll D[1], Ramos B[2], Vianna J[1], [1]Ecosistemas y Medio Ambiente, Agronomía en Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile.[2]Ecología y Biodiversidad, Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.

Las distintas especies pingüinos se encuentran ampliamente distribuidas en el hemisferio sur. Dentro de ellas han sido descritas alrededor de 18 especies y una gran cantidad de subespecies, sin embargo, existen algunas inquietudes taxonómicas sobre algunas de estas especies/subespecies. Realizamos el barcode de pingüinos utilizando secuencias de mtDNA COI de alrededor de 300 muestras de las 18 especies de pingüinos procedentes de diferentes localidades, abarcando distintas áreas dentro de la distribución de cada especie. La filogenia del grupo mantuvo su topología como ha sido descrita utilizando diferentes marcadores moleculares para el grupo. Sin embargo, en algunas especies encontramos una alta divergencia a nivel intraespecífico, como es el caso de pingüino papua (*Pygoscelis papua*) evaluado entre Antártica e islas subantarticas. La diferencia encontrada, es similar a la divergencia, por ejemplo, del genero *Spheniscus*. Aún más, pingüino de humboldt (*S. humboldti*) y pingüino de Galápagos (*S. mendiculus*) poseen la misma secuencia para COI. A pesar que poblaciones de las islas sub-Antárticas de Falkland/Malvinas, Kerguelen, Crozet muestran alta divergencia entre ellas y Antártica para algunas especies de pingüinos como pingüino papúa, el caso de pingüino barbijo (*Pygoscelis antarcticus*) y Macaroni (*Eudyptes chrysolophus*) muestran muy baja divergencia entre Antártica y poblaciones de islas sub-Antártica como Bouvet. Para los pingüinos distribuidos en Sudamérica como Humboldt y Magallánico (*S. magellanicus*) no encontramos linajes divergentes a lo largo de toda su distribución. En general, no encontramos concordancia entre la distribución de las sub-especies previamente descritas basados en morfología y los datos de secuencias de COI. Este trabajo entrega importante información acerca de la existencia de especies cripticas dentro de la familia Spheniscidae, a las que se debe realizar una revisión de su clasificación taxonómica.

Proyectos INACH G06-11, T12-13, y RT_12-14, Proyectos Fondecyt 11110060 and 1150517

35) ALTA DIVERSIDAD Y BAJA ESTRUCTURA GENÉTICA EN BANCOS NATURALES DEL CHORITO *MYTILUS CHILENSIS* REVELADOS CON ADNMT Y SNPS

Segovia N[1,2], Gallardo-Escárate C[3], Oliva C[1], Haye P A[1,3], [1]Biología Marina, Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte.[2]Ciencias Ecológicas, Ciencias, Instituto de Ecología y Biodiverdad (IEB), Universidad de Chile.[3]Interdisciplinary Center for Aquaculture Research (INCAR) Universidad de Concepción.

Mytilus chilensis, o chorito quilmahue, es un importante recurso comercial en Chile. Hasta la década de los 80' se explotaba desde bancos naturales que luego colapsaron en abundancia por lo que desde el año 2006, el 100% de la producción de *M. chilensis* proviene de cultivos. En este estudio evaluamos la estructura genética de seis bancos naturales persistentes de *Mytilus chilensis* (39ºS-43ºS) usando datos del gen mitocondrial Citocromo Oxidasa I (COI) y polimorfismos de sitio único (SNPs) obtenidos mediante Genotyping by Sequencing (GBS).Con secuencias de COI se detectó una alta diversidad y una baja diferenciación genética entre poblaciones locales. La alta diversidad se confirma con curvas de acumulación de haplotipos que sugieren que el esfuerzo de muestreo fue insuficiente a pesar de haber analizado más de 40 individuos por banco natural. Con GBS se detectaron 3.842 SNPs, de los cuales nueve mostraron señales de estar sujetos a selección diversificadora. Comparando por separado la estructura poblacional con los SNPs putativamente neutrales y los sujetos a selección, se detectó el mismo patrón que usando COI: alta diversidad genética y baja diferenciación genética entre bancos naturales. No se detectaron agrupamientos genéticos significativos (con COI y SNPs), apoyando la existencia de una alta conectividad entre poblaciones locales, consistente con la duración de la fase planctónica larval que fluctúa entre semanas a meses en la columna de agua. Los resultados concordantes entre loci neutrales y loci putativamente sujetos a selección permiten sugerir que la adaptación local no estaría previniendo la conectividad entre poblaciones de chorito.

Proyecto FONDECYT 1140862, Proyecto FONDAP 15110027, Beca Nacional Doctoral CONICYT 21120350

37) LA UBICACIÓN DE LAS POBLACIONES LOCALES DE *PYURA CHILENSIS* EN PROVINCIAS BIOGEOGRÁFICAS ES MÁS DETERMINANTE QUE LA DIVERGENCIA DE LOS LINAJES EN LA ESTRUCTURA FILOGEOGRÁFICA BASADA EN SNPS PUTATIVAMENTE SUJETOS A SELECCIÓN.

Segovia N[1,3], Gallardo-Escárate C[2], Poulin E[1], Haye P A[3,2], [1]Ecología, Ciencias, Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Universidad de Chile.[2]Interdisciplinary Center for Aquaculture Research (INCAR) Universidad de Concepción.[3]Departamento de Biología Marina, Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte.

Los organismos marinos bentónicos habitan sustratos heterogéneos, conectándose entre si mediante estadíos larvales dispersivos que facilitan la conectividad entre poblaciones. Sin embargo, la mortalidad no azarosa de migrantes por presiones selectivas podría tener un fuerte impacto en la estructura genética espacial. Pocos estudios filogeográficos han sido abordados usando marcadores que permitan detectar los efectos de la selección natural y contrastarlos con los efectos de fuerzas evolutivas neutrales. Para una mayor comprensión de los aportes de distintas fuerzas evolutivas en la estructuración filogeográfica del tunicado *Pyura chilensis*, en este trabajo, se comparó la diversidad y diferenciación genética de seis poblaciones locales entre los 24º a los 42ºS usando datos de 2251 loci SNPs neutrales y 81 loci putativamente sujetos a selección. Los resultados encontrados con SNPs neutrales y SNPs putativamente bajo selección fueron contrastantes. Los loci neutrales, por un lado, reconocen un linaje evolutivo significativamente diferenciado en la población local de Los Molinos (39ºS), con valores de F_{ST} un orden de magnitud mayores al resto de las comparaciones. Estos resultados son consistentes con los reportados en un estudio previo realizado con secuencias del gen mitocondrial Citocromo Oxidasa I (COI). Con marcadores SNPs neutrales no se detectó una discontinuidad genética asociada al quiebre biogeográfico de los 30ºS, ni se había detectado previamente con COI, pero que si ha sido reportado para otros taxa marinos con baja capacidad de dispersión. Por otro lado, los SNPs putativamente sujetos a selección arrojaron que la mayor parte de la divergencia se explica por la presencia dos grupos de poblaciones, uno al norte y otro al sur de los 30ºS (que incluye a Los Molinos). Por lo tanto, la estructura filogeográfica de loci sujetos a selección estaría más influenciada por condiciones ambientales disímiles al norte y al sur del quiebre biogeográfico a los 30ºS que por la historia de divergencia de los linajes detectada con marcadores neutrales.

Proyecto FONDECYT 1140862, Proyecto FONDAP 15110027, Beca Nacional Doctoral CONICYT 21120350

39) ANÁLISIS MOLECULAR DEL COPÉPODO DE AGUA DULCE *BOECKELLA* (CALANOIDA: CENTROPAGIDAE) EN LA REGIÓN DE MAGALLANES Y ANTÁRTICA

Maturana C S[1], Convey P[2], Poulin E[1], [1]Ecologia, Ciencias. Las Palmeras 3425, Ñuñoa. Santiago, Instituto de Ecologia y Biodiversidad. Universidad de Chile.[2]Natural Environment Research Council, High Cross, Madingley Road, Cambridge CB3 0ET, British Antarctic Survey.

El género *Boeckella* ha sido descrito como uno de los componentes más diverso y dominante del ensamble de zooplancton en agua dulce del hemisferio sur. El género consta de 38 especies con distribución de tipo gondwánica (*i.e* Australia, Nueva Zelanda, Sudamérica y Antártica). Sin embargo, existen muy pocos estudios que determinen el estado de la diversidad genética y las relaciones filogenéticas del género. En este trabajo se presentaran algunos resultados preliminares de diversidad genética y análisis de distancia filogenética para *Boeckella*. Se muestrearon diversos cuerpos de agua dulce en distintas localidades de la Región de Magallanes y en Isla Signy (Isla Antártica), comprendiendo lagunas, pozas permanentes y charcos. Tras la fijación del material biológico, se realizó la extracción de ADN el cual fue amplificado usando gen mitocondrial (Citocromo Oxidasa I) y un gen nuclear ribosomal (28S). Los principales resultados señalan una alta diversidad genética en cada uno de los sitios de muestreos tanto para la región de Magallanes y Antártica. El análisis de distancia genética entre las distintas localidades de Punta Arenas varia entre 5%-10% con buenos soportes, el cual aumentó significativamente con los individuos de Puerto Williams y Antártica. Además se observaron grupos de individuos altamente diferenciados geográficamente, mientras que otros contenían individuos de más de una localidad, indicando una amplia distribución geográfica. Estos resultados nos permiten abordar en una primera instancia la conformación de haplogrupos respecto a su distribución, determinar el estado de su diversidad genética y las relaciones filogenéticas que se establecen entre ellos.

Agradecimientos: Instituto de Ecologia y Biodiversidad, Corporación Nacional Forestal Región Magallanes, British Antarctic Survey y Anne Jungblut.

41) FILOGEOGRAFÍA DEL PICAFLOR CHICO *SEPHANOIDES SEPHANIODES*: EVIDENCIA DE REFUGIOS GLACIALES EN CHILE Y ARGENTINA.

Acosta-Bravo I[1], Cabanne G[2], González-Acuña D[3], Vianna J A[1], [1]Laboratorio de Biodiversidad Molecular, Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile.[2]Museo Argentino de Ciencias Naturales "B. Rivadavia" CONICET.[3]Facultad de Ciencias Veterinarias Universidad de Concepción. (Sponsored by Juliana A. Vianna)

Cambios climáticos durante el Pleistoceno tardío impactaron la distribución geográfica y diversidad genética de organismos del cono sur Sudamericano. La cobertura del hielo durante el último máximo glaciar (UMG) cubrió el cono sur desde los 41ºS hasta los 56ºS, generando diferentes patrones de estructura genética poblacional en especies al norte y sur de esta región. Con el fin de evaluar los efectos de los eventos paleoclimáticos sobre la evolución de los organismos del cono sur, se realizó un estudio filogeográfico en *S. sephaniodes*, ave que se distribuye desde los 30ºS hasta los 55ºS en Chile y Argentina. Para esto se secuenciaron dos marcadores moleculares (Cytb y FIB7) de 77 muestras provenientes de 14 localidades chilenas y tres argentinas. Mediante ambos marcadores se encontró dos clusters con una distribución haplotípica espacial concordante con el límite de la cobertura de los hielos durante el UMG. El cluster al sur del límite de los hielos durante el UMG posee una diversidad genética menor que el cluster distribuido al norte, sumado a una expansión demográfica más reciente. Nuestros resultados evidencian la persistencia de la especie en sitios de refugio durante el escenario de mayor cobertura de hielo con contacto secundario postglacial.

CONICYT-PCHA/MagísterNacional/2015-22152217

43) ANÁLISIS DE PARENTESCO Y PATERNIDAD EXTRA-PAR EN PINGüINOS GENTOO (*PYGOSCELIS PAPUA*) EN LA ISLA SUB-ANTÁRTICA DE KERGUELEN

Barría-Díaz C[1], Poulin E[2], Bonadonna F[3], Vianna J[4], [1]Departamiento de Ecosistemas y Medio Ambiente, Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile.[2]Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[3]Centre d´Ecologie Fonctionnelle et Evolutive Université de Montpellier, Université Paul-Valéry Montpellier.[4]Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by Juliana De Abreu Vianna)

Las nuevas técnicas moleculares han permitido realizar análisis que han determinado que menos del 25% de las especies de aves que practican la monogamia social (asociación entre un macho y una hembra con fines reproductivos) son genéticamente monógamas (unión exclusiva entre un macho y una hembra) y que existen estrategias reproductivas alternativas dentro de las cuales se encuentra la paternidad extra-par (EPP) y el parasitismo intraespecífico de cría (IBP). Estudios realizados en pingüinos indican una baja o nula incidencia de paternidad extra-par, sin embargo, pocos utilizan técnicas moleculares modernas, y algunos de ellos han expresado la baja resolución de algunos de sus resultados. Por esta razón, se propuso el estudio de paternidad en pingüinos papúa (*Pygoscelis papua*) utilizando 12 loci de microsatélites con el fin de determinar si existe o no paternidad extra-par. Para ello se obtuvieron 52 muestras de sangre de *P. papua* de la Isla sub-antártica de Kerguelen, distribuidas en 21 nidos. Análisis preliminares, basados en máxima verosimilitud, indican una alta prevalencia de EPP en los nidos estudiados. Esto puede deberse a que (1) la asincronía de cría promovería la EPP debido a la oportunidad de apareamiento por parte del macho cuando la hembra ya no es fértil, (2) la alta variabilidad genética, que está relacionada positivamente con la prevalencia de EPP, ya que la hembra buscaría al mejor macho no disponible para generar su descendencia; y (3) la alta densidad de cría también promovería la EPP, ya que las oportunidades de cópula son mayores, tanto para machos como para hembras, cuando los demás individuos están anidando en las proximidades.

FONDECYT 1150517. FONDECYT 11110060. Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente.

45) EXPLICACIÓN EVOLUTIVA DE RELACIONES ENTRE VALORES DE PROPIEDADES DE AMINOÁCIDOS ESTÁNDARES

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

For each standard amino acid, and using local rules necessary for the overall stability of the genetic code, the value of the following properties was calculated: polar requirement polarity, hydropathy, molecular volume and isoelectric point; all these properties being important for protein structure. This was done using the empirical values corresponding to the contiguous amino acids (i.e., amino acids whose codon domains differ in only one base). Errors were significantly lower in the standard genetic model than in random code models, and the correlation between these results and the amino acid frequencies for different proteomes was discussed. Since the studied amino acid properties determine the stability of the protein structure against errors in the genetic code usage, these results are evidences of its evolution.

47) CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE *MACVICARIA GEORGIANA* (DIGENEA: OPECOELIDAE), EN TRES ESPECIES DE PECES NOTOTHENIDOS EN LA ANTÁRTICA.

Valdivia I[1], Cárdenas L[1], Patricia V[1], [1]Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. (Sponsored by Marie-Laure Guillemin)

Un gran desafío para la parasitología es generar conocimiento en todos los niveles de biodiversidad, dada la existencia de especies crípticas, historia de vida variables, tipo de reproducción, entre otros, lo que conlleva a cometer errores en la identificación, generando una subestimación de la biodiversidad de estos. Por otro lado, sabemos que estos organismos poseen un alto potencial para la diversificación y especialización.Millones de años de aislación de la Antártica ha permitido la evolución de una biota altamente endémica y adaptada al frio, como es el caso de los peces Notothenidos. La radiación adaptativa puede haber ocurrido en sus parásitos, dadas sus relaciones ecológicas dependientes y específicas, lo que explicaría el alto grado de endemismo a este ambiente, con un 94% de parásitos endémicos. Dentro de la Antártica el digeneo *Macvicaria georgiana* es el digeneo que ha sido reportado un mayor numero de veces en diferentes especies de notothenidos. El objetivo de este estudio es caracterizar genéticamente a este parásito y determinar si esta especie es una misma unidad taxonómica en tres especies de peces de la península Antártica. Para ello se utilizó una aproximación multigenica (18S, ITS1, 5.8S, ITS2 y 28S), análisis filogenéticos y de delimitación de especies. Los Resultados muestran que *Macvicaria georgiana* parasita a las tres especies de hospedadores analizadas y corresponden a una misma entidad taxonómica. Lo anterior no soporta la hipótesis de radiación adaptativa en los parásitos.

Proyecto INACH RT-2214

49) GENÉTICA ESPACIAL DEL GASTRÓPODO DULCEACUÍCOLA, *CHILINA DOMBEYANA* EN LA CUENCA DEL RÍO BIOBÍO

Bórquez J[1], Brante A[2], [1]Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias, Universidad Católica de la Santísima Concepción.[2]Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias, Centro de Investigación en Biodiversidad y Ambientes Sustentables (CIBAS). Universidad Católica Ssma. Concepción. (Sponsored by Florence Marie Veronique Tellier)

El sistema jerárquico de redes hídricas propio de ecosistemas fluviales imponen naturalmente restricciones a la conectividad de las poblaciones de organismos dulceacuícolas al quedar expuestos entre otros, a procesos de fragmentación de hábitat y condiciones ambientales fluctuantes; una situación que puede acrecentarse por influencia antropogénica. La genética del paisaje permite evaluar la influencia de múltiples variables ambientales como rasgos del paisaje sobre la estructuración espacial de la variación genética. En base a un estudio realizado con 11 microsatélites en 710 individuos del gastropodo *C. dombeyana* distribuidos a lo largo de la cuenca del Río Biobío, se muestra evidencia de un alto grado de diferenciación de las localidades del Alto Biobío respecto del resto de las localidades muestreadas. Las poblaciones se ajustan a un patrón de aislamiento por distancia (IBD) utilizando una matriz genética de distancia condicional (cGD) con evidencia de autocorrelación positiva. Las contribuciones conjuntas de oxígeno disuelto (OD) y componentes espaciales (27%), muestran evidencia de influencia significativa sobre la divergencia genética de las poblaciones de *C. dombeyana* en la cuenca del Río Biobío, expuestas principalmente a un flujo génico unidireccional y que exponen la vulnerabilidad de la permanencia de las poblaciones locales de organismos con moderada movilidad y su capacidad de responder a procesos de selección o deriva genética.

FONDECYT Postdoctoral Nº3140561 para JB y FONDECYT Nº1130868 para AB

51) DIVERSIDAD GENÉTICA E HISTORIA DEMOGRAFICA *FISSURELLA PICTA* (GMELIN, 1791)(MOLLUSCA, VETIGASTROPODA) EN EL SURESTE DEL PACÍFICO.

Torres F I[1], Ibáñez C M[1], Pardo-Gandarillas M C[2], [1]Departamento de Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ecología y Recursos Naturales, República 440, Santiago, Chile, Universidad Andrés Bello.[2]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile., Universidad de Chile.

Los ciclos glacial e interglacial han modelado la evolución de los linajes intraespecíficos, especialmente de especies marinas. Cuando la conectividad entre poblaciones se interrumpe, también limita el flujo génico, generando así estructuración genética y cambios demográficos. En este contexto, especies con diferentes desarrollos larvales mostrarían distintos patrones de cambio genético y demografico. La distribución actual de *Fissurrella picta* comprende una parte del sureste del Pacifico que fue cubierta por una capa de hielo durante el Último Máximo Glacial. Esta especie posee una larva lecitotrófica, por ende un potencial de dispersión bajo. El objetivo es evaluar los efectos de una larva lecitotrófica sobre la historia evolutiva de *F. picta*. Se utilizaron dos genes, mitocondrial y nuclear. Los análisis mostraron niveles medios de diversidad genética con COI, y bajos con ITS 1. Se encontraron dos unidades poblacionales a lo largo del Pacífico Sureste. También, se mostró un flujo asimétrico de inmigrantes por generación, siendo este mayor hacia el sur. Además, se determinó que la población del extremo sur experimentó una expansión demografica durante el Pleistoceno Tardío.

Patrocinador: FONDECYT 3140610

53) ESTUDIO FILOGEOGRÁFICO EN *ORESTIAS CF. AGASSII* (CYPRINODONTIDAE) EN EL PARQUE NACIONAL VOLCÁN ISLUGA: LA IMPORTANCIA RELATIVA DE LA HISTORIA HIDROGRÁFICA Y CONECTIVIDAD ACTUAL

Rojas Thumm C[1], Cruz Jofré F[1], Araya C[1], Vila I[1], Méndez M A[1], [1]Ciencias Ecológicas, Ciencias, Universidad de Chile.

Orestias agassii Valenciennes 1846, es la especie de mayor distribución del género en el Altiplano, abarcando desde el norte del lago Titicaca (Perú) hasta el sur del salar de Uyuni (Bolivia). El parque Nacional Volcán Isluga, región de Tarapacá, presenta una serie de poblaciones de *Orestias cf. agassii*, cuya distribución ocurre a lo largo de la cuenca del río Isluga. Este río fluye desde territorio chileno hacia el salar de Coipasa ubicado en Bolivia, formando un sistema altamente conectado a lo largo del mismo. Para evaluar la estructuración genética entre localidades ubicadas en un gradiente altitudinal, se tomaron muestras de individuos en un transecto desde el origen del río (4.200 m s.n.m), hasta un bofedal cercano al pueblo de Isluga (3.740 m s.n.m). De cada sitio de recolecta se obtuvo información de la altitud, la pendiente y el flujo de agua. En el laboratorio se extrajo DNA y se amplificó la Región Control (D-Loop) de la mitocondria. Se discute la diferenciación genética observada entre poblaciones en función de la conectividad actual de las poblaciones y el probable efecto de ciclos de paleolagos (Coipasa-Tauca, 10-17 ka AP) que afectaron la región.

Financiamiento: FONDECYT 1140543, 1140540. CONICYT-PCHA/doctorado Nacional/2015-21150821

55) CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LOS BANCOS DE LA ALMEJA AMEGHINOMYA SP.(IHERING, 1907), A LO LARGO DE LA COSTA SUR ESTE DEL PACIFICO.

Neglia V[1], Vargas J[2], Astorga M[2], Cardenas L[3], [1]Ciencias Ambientales, Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Universidad Austral de Chile.[2]Acuicultura, Acuicultura, Universidad Austral de Chile.[3]Instituto de ciencias Ambientales y Evolutivas, Ciencias, Universidad Austral de Chile. (Sponsored by Marcela Astorga)

Históricamente en Chile la denominación “almeja” ha agrupado a 11 especies de moluscos bivalvos. Con el transcurso del tiempo la investigación pesquera diferenció algunas de ellas y actualmente a nivel nacional se reconoce la pesquería de Venus antiqua como almeja. La clasificación taxonómica de esta se basa en la descripción morfológica de la concha, existe poca información relativa a la reproducción y no existen publicaciones que caractericen genéticamente esta especie. Además, en los últimos años se han producido conflictos y cambios de nombre de la especie basados en datos paleontológicos. Actualmente, la especie V. antiqua se llama Ameghinomia antiqua. A través del uso de marcadores moleculares, estudiamos los bancos naturales de “almeja” de diferentes zonas de la costa chilena. Los primeros resultados muestran la presencia de dos clados genéticamente diferenciados. El primero incluye mayormente almejas de la zona norte (Ilo, Perú hasta Valdivia, Chile) mientras que el segundo clado agrupa almejas de la zona sur (Punta Arenas a Concepción). Se analiza la existencia de simpatría en ambos clados y se discute la presencia de distintas especies a lo largo de Chile.

Fondef ID15I10271

57) DEJANDO ANTÁRTICA: DIVERSIFICACIÓN CUATERNARIA DE *HARPAGIFER* RICHARDSON, 1844 (PERCIFORME: NOTOTHENIOIDEI) EN EL OCÉANO AUSTRAL

Naretto J[1], Hüne M[2], González-Wevar C[3], Kraft S[1], Miya T[4], Saucéde T[5], Poulin E[1], [1]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile.[2]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[3]Departamento de Ciencias y Recursos Naturales, Facultad de Ciencias, Universidad de Magallanes.[4]Molecular Biology & Systematics South African Instituted for Aquatic Biodiversity.[5]Biogéosciences Université de Bourgogne.

La evolución de la fauna marina bentónica en el Océano Austral (OA) ha sido modelada por factores climáticos, oceanográficos y geológicos. El aislamiento geográfico del continente Antártico y la posterior formación e intensificación de la corriente Circumpolar Antártica (ACC), han sido considerados factores determinantes al momento de comprender las relaciones evolutivas entre la fauna antártica y subantártica. Estudios recientes indican que el nivel conectividad mantenido por poblaciones de organismos marinos de hábitats someros, posterior a la separación de los continentes antártico y sudamericano, podría tener relación con las estrategias reproductivas de estos, y estaría vinculada a la intensificación de la ACC en el Mioceno tardío-Plioceno temprano. En este contexto, la evolución de peces nototénidos adaptados a bajas temperaturas es un interesante ejemplo de los procesos de diversificación en el OA. La radiación adaptativa de este grupo ha sido un interesante modelo de estudio para comprender la evolución de la fauna antártica, y la biogeografía de la fauna marina del Océano Austral. Utilizando un marcador mitocondrial (región control) y un marcador nuclear (Rodopsina), se realizaron reconstrucciones filogenéticas, y se estimó el tiempo de divergencia molecular dentro del género *Harpagifer*, un pez nototénido de hábitats somero con representantes en distintas regiones del OA. Las reconstrucciones moleculares respaldan el origen antártico del género, y reconocen dos linajes principales en la evolución de *Harpagifer* ($\Phi st=0.7633$; $p<0.001$). El primero de ellos incluye *H. bispinins* y *H. paliolatus* de América del Sur, mientras que el segundo incluye las especies de la Antártica, de las islas Georgias del sur, Kerguelen y Marion. La divergencia entre el clado sudamericano y el clado antártico-subantártico habría ocurrido 1,66 Ma (95 % HPD 0,82–2,62 Ma), y sería más reciente de lo esperado bajo la hipótesis de vicarianza, y consistente con cambios climáticos y oceanográficos durante los períodos fríos del Cuaternario.

FONDECYT N°1151336; Beca de Doctorado CONICYT N°21140632; Proyectos P05-002 y PFB 023 (Instituto de Ecología y Biodiversidad IEB); Programa IPEV Nº 1044 - PROTEKER; FONDECYT DE INICIACIÓN N°11140087.

59) FILOGEOGRAFÍA COMPARADA DEL ZORRO CULPEO (*LYCALOPEX CULPAEUS*) Y ZORRO GRIS (*LYCALOPEX GRISEUS*)

Julio-Kalajzic B[1], Cabello J[2], Acosta-Jamett G[3], Sallaberry-Pincheira N[4], González-Acuña D[5], Bonacic C[6], Vianna J[1], [1]Laboratorio de Biodiversidad Molecular, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile.[2]Facultad de Medicina Veterinaria Universidad San Sebastián.[3]Programa de Investigación Aplicada en Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile.[4]Unidad de Rehabilitación de Fauna Silvestre, Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello.[5]Facultad de Ciencias Veterinarias Universidad de Concepción.[6]Laboratorio Fauna Australis, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by Juliana De Abreu Vianna)

La diversificación del género *Lycalopex* ocurrió durante el Pleistoceno, siendo la separación entre *L. culpaeus* y *L. griseus* el evento más reciente de especiación. Esta radiación podría relacionarse con procesos ocurridos durante el Pleistoceno y Holoceno temprano, como glaciaciones y cambios climáticos en Sudamérica. Tanto *L. culpaeus* como *L. griseus* poseen distribuciones geográficas similares, siendo simpátricos en varios puntos de su distribución. Además comparten características biológicas y ecológicas, por lo cual podría esperarse que ocurrieran eventos de hibridación entre ambas. En este estudio se analizaron 52 muestras de *L. culpaeus* y 48 de *L. griseus*, utilizando dos marcadores mitocondriales (región control y citocromo B), para dilucidar si comparten patrones demográficos, determinar su diversidad genética y estructura poblacional, y evaluar la existencia de hibridación en zonas de simpatría. Los resultados apoyan una diversificación reciente de estas especies, las cuales poseen una alta diversidad genética (mayor en *L. culpaeus*) y no muestran signos de expansión poblacional o cuellos de botella recientes. *Lycalopex culpaeus* y *L. griseus* presentan una baja estructura genética poblacional. Finalmente, no conformarían clados recíprocamente monofiléticos, ya que algunos haplotipos de una especie pertenecen al clado de la otra. Esto podría explicarse por el tiempo de divergencia reciente o por introgresión de genes entre ellas.

Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. CONICYT-PCHA/MagísterNacional/2015-22151475.

61) RADIACIÓN Y DISPERSIÓN DE OCHO ESPECIES HERMANAS CRÍPTICAS DE ALGAS PARDAS EN EL OCÉANO DEL SUR

Huanel O[1], Guillemin M[1,2], [1]Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas Universidad Austral de Chile, Valdivia.[2]UMI 3614 Evolutionary Biology and Ecology of Algae CNRS, Sorbonne Universités UPMC Univ. Paris 06, Pontificia Universidad Católica de Chile, Universidad Austral de Chile. (Sponsored by Marie-Laure Guillemin)

El océano del Sur es caracterizado por un alto nivel de endemismo que ha sido relacionado a su progresivo aislamiento desde el Eoceno. Sin embargo, recientes estudios filogeográficos han demostrado que organismos marinos han cruzado la Corriente Circumpolar Antártica (CCA) en repetidas ocasiones. Las macroalgas presentan en general problemas de reconocimiento de especies usando taxonomía clásica y, asociando esto a su muy baja capacidad de dispersión, se ha propuesto que especies morfológicas de amplia distribución en el hemisferio Sur podrían en realidad presentar antiguas y profundas divergencias entre poblaciones antárticas y subantárticas. Se ha reportado recientemente en la región sub antárctica que *Adenocystis utricularis* seria en realidad un grupo de especies hermanas cripticas pero las poblaciones Antárcticas de esta "especie" nunca se han estudiado al nivel genético. Se desarrolló un estudio de filogeografía incluyendo nuevas poblaciones antárticas y subantárticas de *A. utricularis* utilizando el gen mitocondrial COI y cloroplastico *rbc*L. Nuestros resultados dieron cuenta de la existencia de ocho grupos genéticos, algunos claramente antárticos o subantárticos mientras otros cruzan la CCA. En ambas regiones, varias especies hermanas se distribuyen en completa simpatría. Si bien se observó diferentes morfologías en los sitios antárticos, no mostraron relación con su identidad genética lo que sugiere una alta plasticidad fenotípica. El complejo patrón de radiación y distribución de las especies hermanas de "*A. utricularis*" será discutido en este trabajo.

Proyecto INACH T_16-11; Poyecto FONDAP 15150003

63) FILOGEOGRAFÍA DE *HELEOBIA ATACAMENSIS* (PHILIPPI, 1860) EN EL SALAR DE ATACAMA: EVENTOS CLIMÁTICOS Y GEOGRAFÍA COMO MODULADORES DEL ACERVO GÉNICO

Fabres A[1], Valladares M[1], Gallardo C[1], Collado G A[2], Méndez M[1,3], [1]Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[2]Laboratorio de Malacología y Sistemática Molecular Universidad del Bío-Bío.[3]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultas de Ciencias, Universidad de Chile. (Sponsored by Marco Méndez)

El salar de Atacama pertenece a una cuenca hidrográfica cerrada ubicada en el desierto de Atacama en el norte de Chile. Sin embargo, la actual condición de aridez que predomina en la región contrasta con los ciclos paleolacustres ocurridos durante el Plio-Pleistoceno. En este escenario, los organismos dulceacuícolas que habitan estos sistemas han evolucionado bajo una presión climática de constante cambio, alternando entre fases húmedas y áridas durante la historia reciente de la región. *Heleobia atacamensis* (Philippi, 1860) es un caracol de agua dulce, en peligro de extinción, que habita el salar de Atacama junto a otras poblaciones hasta ahora no estudiadas del género y que corresponde a un linaje diferenciado del resto de las localidades altiplánicas. El objetivo de este trabajo fue estimar la conectividad y eventos demográficos entre las poblaciones de *Heleobia* presentes en el salar de Atacama. Para esto, utilizando secuencias parciales del gen COI, se evaluó la estructura genética poblacional y el flujo genético histórico entre las poblaciones del salar. Los resultados sugieren que las poblaciones del sistema se agrupan en tres clusters genéticos evolutivamente diferenciados, y presentan un flujo genético reducido entre ellos. Se discute la influencia climática y de la geografía como moduladores de la divergencia incipiente entre las poblaciones de *Heleobia* del salar de Atacama.

CONICYT-PCHA/Doctorado Nacional/2014-21140226; FONDECYT 11130697; FONDECYT 1140540; ECOS-CONICYT C15B02; MEL016 CEA Ltda.

65) FILOGEOGRAFÍA DE MALARIA AVIAR: DISTRIBUCIÓN, PREVALENCIA Y DIVERSIDAD DE *HAEMOPROTEUS* Y *PLASMODIUM* EN CHINCOL (*ZONOTRICHIA CAPENSIS*) EN CHILE.

Doussang D[1], González-Acuña D[1], Torres-Fuentes G[1], Greene K[2], Vianna J[2], [1]Ciencias Agropecuarias, Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción.[2]Ecosistemas y Medio Ambiente, Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by Juliana Vianna De Abreu)

Los hemoparásitos de los géneros *Haemoproteus* y *Plasmodium* causantes de malaria, poseen una amplia distribución y una alta prevalencia en aves del Orden Passeriformes. Se ha descrito que latitud, altitud y otras variables ambientales pueden influenciar la distribución, prevalencia y diversidad de estos hemoparásitos. Para determinar la influencia de estos factores, fueron muestreados 500 chincoles (*Zonotrichia capensis*) entre los años 2010-2016 desde 30 localidades ubicadas de norte a sur de Chile (entre los 18° y 42° latitud sur). Desde el ADN extraído de las muestras de sangre, se amplificaron y secuenciaron fragmentos del genoma mitocondrial del hemoparásito (cytb). Los resultados determinaron una amplia distribución latitudinal de los linajes de hemoparásitos. Con una prevalencia total de 34% para *Haemoproteus* y *Plasmodium*, concentrándose los mayores valores en localidades ubicadas entre los 32° y 33° latitud sur y con bajas altitudes. La diversidad de haplotipos encontrados demuestra una alta especificidad que puede ser indicativa de coevolución huésped-parásito. Los resultados de este estudio pueden ser utilizados para realizar modelos predictivos de desarrollo de los hemoparásitos, frente al cambio climático.

Fondecyt 1150517, Fondecyt 1130948.

67) NUEVO REPORTE FILOGEOGRÁFICO AGREGANDO SECTORES INSULARES Y CONTINENTALES SUGIERE UN NUEVO LINAJE DEL GÉNERO *MEPRAIA* (HEMIPTERA: REDUVIIDAE).

Diaz G[1], Rives N[2], Torres F[3], Campos R[3], [1], de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[2]Ciencias Biológicas Animales Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.[3]Instituto de Biología de Ciencias , Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Mepraia es un género de la subfamilia *Triatominae*, endémico de Chile que cumple un rol importante en la transmisión de *T. cruzi* en el ciclo silvestre. Actualmente hay 3 especies descritas: *Mepraia gajardoi* que habita entre los paralelos 18°- 24°S abarcando las Regiones de Arica y Parinacota y parte de la Región de Antofagasta, *Mepraia parapatrica* que habita entre los paralelos 24°- 27°S entre la región de Antofagasta y sector norte de la región de Atacama y *Mepraia spinolai* que habita entre los paralelos 26°- 34°S de la Región de Atacama hasta la Región Metropolitana. Actualmente existe controversia respecto de la ancestralidad de estos linajes así como de su origen biogeográfico. En estudios filogeográficos anteriores existe una extensa zona geográfica no muestreada entre *M. gajardoi* y *M. parapatrica* además de no existir ejemplares secuenciados en sectores insulares. Con el fin de completar la filogeografía y comparar divergencias entre poblaciones insulares y continentales en este trabajo se secuenciaron genes mitocondriales (COI y Cyt b) de ejemplares provenientes de 2 islas y 4 zonas continentales, dichas secuencias se ocuparon para realizar la reconstrucción filogenética y estimar los tiempos de ancestro común más reciente. Nuestros resultados muestran un nuevo clado soportado en poblaciones provenientes de la Región de Antofagasta por lo que se sugiere revisar otros caracteres para confirmar su validez. Los tiempos de divergencia estiman que la separación entre los ejemplares del continente y las islas fue hace 100 y 170 mil años atrás. Esto nos sugiere que la separación isla-continente pudo ser el resultado de los cambios en el nivel del mar que se reportan durante fines del pleistoceno. Por último la antigüedad estimada de los linajes nos sugiere que existen hipótesis biogeográficas alternativas a la descrita.
FONDECYT 3150289

69) RECONSTRUCCIÓN DE LOS ESCENARIOS BIOGEOGRÁFICOS ASOCIADOS A LA ESPECIACIÓN DE *TELMATOBIUS* EN LAS VERTIENTES OCCIDENTALES DE LOS ANDES CENTRALES

Sáez P[1], Zúñiga-Reinoso Á[1], Pablo F[1], Méndez M[1], [1]Ciencias Ecológicas, Ciencias, Universidad de Chile.

La geomorfología actual de la región de los Andes centrales es producto de un prolongado proceso de elevación, donde las mayores alturas se alcanzaron en el transcurso del Mioceno. Durante las glaciaciones del Pleistoceno ocurrieron numerosos cambios en los regímenes hídricos de esta región que incluyeron fases de retracción y expansión, así como reversiones en los sistemas de drenaje hacia el océano. Es así que la distribución espacial y temporal de la biota dulceacuícola de los Andes centrales ha sido moldeada por este complejo escenario geológico-climático. El género *Telmatobius* es un grupo de anfibios que se distribuye en los Andes desde Ecuador hasta Argentina y Chile. En los Andes centrales se han descrito numerosas especies, principalmente en la región del Altiplano, las que conforman un grupo monofilético. Estudios previos han revelado dentro de este grupo, la existencia de tres linajes en esta región, cuya cladogénesis habría comenzado durante el Pleistoceno. El objetivo de este estudio fue reconstruir el origen biogeográfico del ACMR de los grupos *Telmatobius zapahuirensis* y *T. hintoni,* y así inferir la historia biogeográfica que mejor se ajusta a la especiación de estos grupos. Para ello se utilizó una filogenia ultramétrica datada en base a secuencias del marcador mitocondrial Citocromo b, y las cuencas donde se distribuyen las especies de *Telmatobius*. Se discute sobre los escenarios biogeográficos encontrados que permitieron la diversificación de los *Telmatobius* del margen occidental los Andes centrales.

FONDECYT 1140540, CONICYT PCHA/Doctorado Nacional/2016-21161242

71) ESTRUCTURACIÓN FILOGEOGRÁFICA EN POBLACIONES DE*TELMATOBIUS CHUSMISENSIS* (ANURA: TELMATOBIIDAE).

Otálora K[1], Araya C[1], Fibla P[1], Saéz P[1], Cruz-Jofre F[1], Pastenes L[2], Sallaberry M[3], Hinojosa L F[4], Mendez M A[1], [1]Ciencias Ecologícas, Laboratorio de Genetica y Evolución, Ciencias, Universidad de Chile.[2]Departamento de Química y Biología, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Católica del Maule., Ciencias, Universidad de Chile.[3]Ciencias Ecologícas, Laboratorio de Zoología, Ciencias, Universidad de Chile.[4]Ciencias Ecologicas, Laboratorio de Paleoecología, CIENCIAS , Universidad de Chile.

Telmatobius chusmisensis es un anfibio que presenta una amplia y fragmentada distribución en la zona andina de Chile. En este estudio, se evaluó la existencia de patrones filogeográficos en esta especie. Se amplificaron 800 pb de la región control mitocondrial y con esta información se realizaron análisis filogenéticos (MP, ML, IB) y de distancias genéticas (NJ). Se utilizaron secuencias de *T. chusmisensis* de 11 localidades (localidad tipo y 10 localidades nuevas) y de otras especies del género descritas en Chile. Los análisis recuperaron topologías, en su mayoría, congruentes respecto a lo descrito por Sáez et al. 2014. Las localidades de *T. chusmisensis* se agruparon con *T. zapahuirensis y T. vilamensis*. Dentro del grupo de *T. chusmisensis* se reconocieron a su vez tres subgrupos formados por individuos de: (I) Chusmiza, Lirima y Laonzana; (II) Illalla, Chiapa, Chijlla, Copaquire y (III) Collacagua, Piga y Salar de Huasco. Los individuos de la localidad de Noasa carecieron de resolución. La mayoría de las subagrupaciones de *T. chusmisensis* formaron grupos monofiléticos en función de las cuencas, lo que podría sugerir que la estructuración de las poblaciones esta mediada por la restricción al sitio de origen dada la alta filopatría y baja vagilidad de estos organismos.

Fondecyt 1140540 del Laboratorio GEVOL Universidad de Chile y Beca de Magister del IEB. Minera Collahuasi. Fondecyt Postdoctoral 3140483

73) IDENTIFICACIÓN DE LINAJES EN *LIOLAEMUS NIGROVIRIDIS* (SAURIA, LIOLAEMIDAE) Y SUS IMPLICANCIAS EN LA TAXONOMÍA DEL GRUPO

Torres-Pérez F[1], Boric-Bargetto D[1], Rodríguez E[1], Bruna Y[1], Quintana G[1], Cruz J[1], Fernández V[1], Palma R[2], [1]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[2]Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Chile. (Sponsored by Fernando Torres Pérez)

Las montañas son de particular interés en la evaluación de respuestas de especies a oscilaciones climáticas, dado que pueden brindar entornos favorables para promover cambios en la distribución de especies y su demografía. Los ambientes montañosos son un componente esencial en la topografía de Chile e incluye la cordillera de los Andes y Costa. *Liolaemus nigroviridis* Müller & Hellmich 1932 es una especie saxícola distribuida en Chile central entre las latitudes 32°-34°S por sobre los 1100 m. Presenta una distribución discontinua habitando en montañas andinas y costeras, y ausente en las elevaciones más bajas y valles. Debido a diferencias morfológicas y la distribución alopátrica de sus poblaciones, se describieron tres subespecies: *L. n. nigroviridis* (Andes), *L. n. minor* (Andes), y *L. n. campanae* (Costa). En este estudio se evaluó la divergencia genética de *Liolaemus nigroviridis* en Chile central, bajo la hipótesis que las fluctuaciones climáticas durante el Cuaternario tuvieron impacto en la distribución y estructura genética de las poblaciones. Además se evaluó el estatus taxonómico de ésta especie politípica. A partir de caracteres moleculares del genoma mitocondrial y nuclear se realizaron análisis filogenéticos, de divergencia genética y delimitación de especies (Species delimitation pluging de Geneious y Poisson Tree Processes para *cytb* y GSI_T como aproximación multilocus). Los resultados mostraron alta divergencia genética entre las poblaciones con el marcador mitocondrial, pero se observó separación incompleta de linajes usando marcadores nucleares. A pesar de no conformarse clados monofiléticos, los valores significativos de GSI_T sustentan a las tres subespecies descritas y dos poblaciones atípicas (Cantilllana y El Arpa) como linajes independientes. Se mencionan las posibles causas de las diferencias encontradas en los distintos métodos de delimitación de especies respecto a las tres subespecies descritas, sin embargo, las tres aproximaciones coinciden en determinar a las dos poblaciones atípicas como especies putativas.

FONDECYT 1140929

75) PROCESOS DEMOGRÁFICOS Y DIVERSIDAD GENÉTICA: EL CASO DE DOS ESPECIES DEL GÉNERO *BOMBUS* (HYMENOPTERA: APIDAE) EN CHILE.

Cianferoni F[1], Schmid-Hempel P[2], Schmid-Hempel R[2], Poulin E[1], [1]Departamento Ciencias Ecológicas, Facultad Ciencias, Universidad de Chile.[2]Institute of Integrative Biology ETH Zürich .

Distintos procesos demográficos influyen de manera importante en la diversidad genética en poblaciones. Una contracción poblacional puede tener como resultado una perdida en la diversidad genética dado fenómenos de cuello de botella y distintos eventos de efector fundador pueden estar seguidos de una expansión poblacional. En Chile el Género *Bombus* está representado por cuatro especies de las cuales dos son nativas, siendo *Bombus dahlbomii* la especie nativa mayormente amenazada. En la actualidad se estima que su rango de distribución se ha contraído casi en un 54% en tan solo un par de décadas debido, principalmente, a la perdida de hábitat, la adquisición de parásitos y la introducción de especies conespecíficas para la polinización de cultivos. Para el ultimo propósito señalado, durante la década del 90´ se introdujo a Chile el abejorro *Bombus terrestris* el cual, tras un mal manejo de esta introducción, ocupó las zonas silvestres, experimentando una notable expansión demográfica y geográfica. En la actualidad este abejorro se encuentra totalmente establecido y ha ido colonizando, progresivamente, desde Quillota hasta el extremo sur de Chile. Son estas características que hacen de estas especies un buen modelo para evaluar distintas hipótesis en cuanto a cómo afectan distintos procesos demográficos (contracción poblacional en el caso de la especie nativa, y expansión poblacional en el caso del abejorro introducido)a la diversidad genética en poblaciones. Utilizando el marcador mitocondrial COI y microsatélites se propone evaluar el estado de la diversidad genética y grado de estructuración de *B.dahlbomii* y *B. terrestris* en territorio chileno en 11 localidades entre la Región de Valparaíso y la Región de Magallanes. Los resultados muestran una baja diversidad genética, una baja diversidad haplotípica para el marcador mitocondrial en todas las localidades estudiadas de *B. dahlbomii.* Presentación: Panel/Posters

77) ANÁLISIS COMPARATIVO DE LA FAUNA PARASITARIA DE DOS ESPECIES DE PATELLOGASTROPODA DEL GÉNERO *NACELLA.*

Flores K[1], Cárdenas L[1], González C[2], López Z[3], [1]Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Ciencias, Universidad Austral de Chile.[2]* Universidad de Magallanes.[3]Instituto de Ecología y Biodiversidad Universidad de Chile. (Sponsored by Marie-Laure Guillemin)

Los gastropodos así como una gran parte de los consumidores primarios o secundarios, son parte del ciclo de vida de parásitos con uno más hospedadores intermediarios, así como de aquellos de ciclo directo que se hayan especializado en este grupo. El patellogastropoda *Nacella,* es uno de los invertebrados más abundantes del ecosistema inter y submareal antártico, y se ha estimado un tiempo de divergencia de alrededor de 3 MA con sus relativos subantárticos. En este estudio, se contrasta la composición de la parasitofauna entre la especie antártica *N. concinna* y su congenerica subantártica *N. deaurata.* Se realizaron análisis parasitológicos tradicionales para entender el patrón actual de la conectividad entre los ecosistemas Antárticos y Subantárticos. De un total de 275 individuos de *N. concinna* y 182 de *N. deaurata* se obtuvieron 5 taxa parásitas; 1 Copepoda, 1 Nematoda, 1 Isopoda (parasitando cavidad del manto) y 2 Digenea (parasitando manto y glándula digestiva). Los resultados muestran presencia de diferentes estados larvales de trematodos digeneos, observando diferencias significativas tanto en prevalencia como abundancia. Este es el primer trabajo que describe la fauna parasitaria de invertebrados en la Antártica.

Fondap-IDEAL RP2 e INACH RT 02-15.

79) ORIGEN DE LLAMAS Y ALPACAS: INDEPENDIENTE DOMESTICACIÓN Y SUBSECUENTE INTROGRESIÓN

Marín J C[1], Romero K[2], Vásquez J P[2], Rivera R[1], Varas V[3], González B[4], [1]Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-bío.[2]Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[3]Instituto de Cs. Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.[4]Departamento Gestión Forestal y su Medio Ambiente, Facultad de Ciencias Forestales y de la Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile.

Cuatro especies de camélidos Sudamericanos son reconocidos en la actualidad; dos de ellas silvestres: guanaco (*Lama guanicoe*), y vicuña (*Vicugna vicugna*), y dos domésticas: la llama (*Lama glama*) y la alpaca (*Vicugna pacos*). Ellos representan una oportunidad única para un estudio, ya que, a diferencia de la mayoría de otros tipos de ganado doméstico, los dos antepasados silvestres de ambas formas domésticas existen actualmente. Hoy se acepta que la domesticación de llamas y alpacas habrían ocurrido en los Andes, 6000-7000 AP, tomando como fuentes silvestres a poblaciones septentrionales de guanacos y vicuñas respectivamente. Sin embrago, el origen de llamas y alpacas no ha estado ausente de controversia por el alto grado hibridación detectado en ellas. Registros históricos reportan un sofisticado sistema de clasificación y selección que se habría perdido con la llegada de los conquistadores europeos, y la drástica reducción de las poblaciones humanas y ganado andino. Con el objeto de conocer mejor la evolución y domesticación de los camélidos Sudamericanos, mostramos aquí un análisis multi-marcador que evidencia la introgresión de genes entre las especies domésticas.

Nuestros resultados indican en general que el análisis individual de un solo marcador no permite separar inequívocamente guancos de llamas y vicuñas de alpacas. Sin embargo, la combinación de la variación nucleotídica de marcadores nonoparentales (mtDNA y cromosoma Y) y biparentales (microsatélites, 2 genes para el color y un panel de SNPs) permiten una mejor resolución de la dirección y origen de la domesticación, no obstante, las evidencias aquí entregadas, ponen en tela de juicio la pureza de llamas y alpacas y su condición de especie. Nuestros resultados permiten además, comprender mejor la historia reciente de este grupo y aportan en el conocimiento animales esenciales para el estilo de vida y la economía de los pueblos andinos. FONDECYT 1140785Evolución molecular de la familia multigénica de genes receptores de la melatonina y pérdida diferencial en aves

81) MOLECULAR EVOLUTION OF MELATONIN RECEPTOR MULTIGENE FAMILY AND DIFFERENTIAL LOSS IN BIRDS

Huamaní, L[1]., Opazo, Juan C[2].,[1]Programa de Doctorado en Ciencias, mención Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. [2]Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
lizselhuamani@gmail.com

Una de los grandes desafíos de la biología evolutiva es entender los patrones de diversidad genómica presente en especies actuales. En este sentido, la ganancia y pérdida de genes representan una fuente importante de variación que está siendo recientemente estudiada. Estos procesos son de particular interés en grupos de genes que descienden de un ancestro común, i.e familias multigénicas, en donde ciertos grupos taxonómicos ganan o pierden distintos miembros. El objetivo de este trabajo es estudiar la historia evolutiva de la familia multigénica de receptores de melatonina en vertebrados. Para esto anotamos los genes pertenecientes a esta familia (MTNR1A, MTNR1B, GPR50 y GPR84) en 24 especies de vertebrados, reconstruimos árboles de genes para inferir relaciones de homología y analizamos los patrones de expresión en distintos órganos en especies representativas de vertebrados. Los análisis filogenéticos recuperaron la monofilia de los miembros de la familia multigénica con buen soporte de rama. Análisis de sintenía apoyan los resultados de nuestro árbol de genes. De particular interés es que el clado del gen Gpr84 fue recuperado dentro de GPR50. Además este gen se habría perdido en el linaje de las aves. Los miembros de esta familia multigénica se observa en distintos tejidos como cerebro, corazón, hígado, riñón, testículo y músculo. Dado que la melatonina actúa a través de los receptores de membrana y está involucrada en muchos procesos fisiológicos como regulación de la presión sanguínea, regulación del ritmo circadiano y reproducción estacional su expresión en diversos tejidos es esperable. Finalmente estos genes se han originado como producto de la doble ronda de duplicación del genoma de los vertebrados con una particular pérdida diferencial del GPR50 en las aves.

MECESUP AUS 1203, Ayudantía Docencia–Proyecto Internacionalización Programas de Doctorados UACh

83) PATRONES DE SELECCIÓN NEUTRAL VS. ADAPTATIVA EN LA ESPECIE ANAGENETICAMENTE DERIVADA *DYSOPSIS HIRSUTA* (EUPHORBIACEAE), ENDÉMICA DE ISLA ROBINSON CRUSOE, ARCHIPIÉLAGO DE JUAN FERNÁNDEZ, CHILE.

Montoya H[1], López Sepúlveda P[1], Fuentes G[1], Takayama K[2], Peñailillo P[3], Stuessy T[4], [1]Botánica, Cs. Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[2]Museum of Natural and Environmental History, Japan University of Tokyo.[3]Instituto de Cs. Biológicas Universidad de Talca.[4]Department of Evolution, Ecology, and Organismal Biology, The Ohio State University. (Sponsored by Patricio Peñailillo)

La variación genética observada en las especies vegetales de islas oceánicas es producto de los distintos tipos de procesos evolutivos que han ocurrido a lo largo de su historia. El Archipiélago de Juan Fernández, situado frente a las costas de Chile continental, es un lugar propicio para estudiar la variación genética y fases evolutivas que allí ocurren. En la presente investigación se analizó la diversidad genética, mediante AFLP, de 75 individuos distribuidos en 10 poblaciones de la especie *Dysopsis hirsuta* (Müll. Arg.) Skottsb. (Euphorbiaceae), con el objetivo de dilucidar si la variabilidad genética se encuentra relacionada con procesos evolutivos de tipo neutral o selectivos. Para ello, desde la matriz binaria original, se obtuvieron aquellos loci outliers que permitieron obtener las señales de selección. A pesar de las diferencias en los valores de variabilidad genética (He, I) entre matrices, estos no fueron significativos (P> 0,05); los mayores valores se detectaron en la matriz de loci outliers. Para evaluar selección se discute la correlación de este último tipo de loci con variables ambientales.

Fondecyt N° 1160794 a PLS.

85) ANÁLISIS DE DIVERGENCIA MOLECULAR Y DIFERENCIACIÓN MORFOLÓGICA EN GASTERÓPODOS DEL GÉNERO *HELEOBIA* STIMPSON, 1865 DEL SALAR DE ATACAMA

Valladares M[1], Fabres A[1], Sáez P[1], Collado G[2], Méndez M A[1], [1]Laboratorio de Genética y Evolución, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[2]Departamentos de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Universidad del Bío-Bío. (Sponsored by Marco A. Méndez Torres)

El Altiplano chileno comprende cuencas hidrográficas parcial o totalmente aisladas, por tanto corresponde a un laboratorio natural para evaluar la influencia de los eventos vicariantes o mecanismos de dispersión sobre la distribución de la biota. En este sentido, los estudios filogeográficos permiten elucidar la influencia de eventos históricos en los patrones actuales de biodiversidad y puede identificar patrones de vicarianza, dispersión (u otros) en los taxa que se distribuyen en una área geográfica. El objetivo del presente estudio fue evaluar la variación genética y morfológica en individuos de *Heleobia* Stimpson, 1865 provenientes de seis sistemas hidrológicos del salar de Atacama. Este salar ha sido afectado por diferentes eventos climáticos (UMG, ENSO, SASM, etc.) que han alterado los niveles de agua y por ende la conectividad de las poblaciones de organismos dulceacuícolas que se encuentran en el sistema. Con el objetivo de evaluar el efecto de estos eventos en la estructura poblacional de *Heleobia*, se realizaron análisis genéticos utilizando secuencias parciales de mtDNA (COI, 12S y 16S) y morfometría geométrica de contorno. Estudios preliminares sugieren la presencia de al menos dos linajes al interior del salar. Se discute la divergencia molecular encontrada en este sistema con la diferenciación morfológica observada al interior del salar.

CONICYT-PCHA/Doctorado Nacional/2014-21140226; FONDECYT 1140540; FONDECYT 11130697; ECOS-CONICYT C15B02; MEL016 CEA Ltda.

87) AVELLANITA BUSTILLOSII PHIL. (EUPHORBIACEAE) NUEVA LOCALIDAD EN FALDEOS DE CORDILLERA DE LOS ANDES EN REGIÓN DE O´HIGGINS, FLORA ACOMPAÑANTE Y ALCANCES A SU ESTADO DE CONSERVACIÓN.

Rojas G[1], Medina P[2], [1]Área Botánica Museo Nacional de Historia Natural.[2]Botánico Independiente.

Avellanita bustillosii Phil., taxón de género monotípico y endémico de Chile Central, elemento florístico de presencia rara en el sotobosque del bosque esclerófilo no se encuentra en representado en áreas protegidas por SNASPE. Las sub-poblaciones conocidas son de reducido tamaño, insertas en comunidades vegetales fragmentadas, alteradas y amenazadas por intervención antrópica. Las localidades son: Fundo Los Perales, Valle de Marga-Marga, Región Valparaíso; Laguna de Aculeo, Región Metropolitana y Lo Chancón, Región de O´Higgins. La sub-población de Marga-Marga se considera extinta. La sub-población de Aculeo se consideró extinta por seis décadas, en 1989 fue redescubierta, alrededores de Laguna Aculeo. El 2003 se descubre la especie en Lo Chancón, Provincia de Cachapoal, Región de O´Higgins, ampliando su límite sur cerca de 30 km. La sub-población de Aculeo se compone de al menos 2.000 individuos. Lo Chancón, expone un tamaño aproximado de 6.320 individuos. La especie presentaba, hasta hoy, registros de distribución localizados y disyuntos en el bosque esclerófilo de la Cordillera de La Costa. No obstante, recientes exploraciones en la Región de O´Higgins, realizadas por G. Rojas, revelaron una nueva localidad de *A. bustillosii* en el piedemonte de los cerros Retamal y Trocalán (entre 700 y 880 msnm), ambas localidades insertas en la pre-cordillera Andina entre las comunas de Requínoa y Machalí. Se amplió su límite sur de distribución en 26,5 km y 0,2 grados de latitud. Los individuos se encuentran dentro del bosque esclerófilo cuyas especies estructurantes corresponden a los fanerófitos de tamaño medio (8,0-12,0 m) *Peumus boldus*, *Lithraea caustica*, *Quillaja saponaria*, *Acacia caven* y *Cryptocarya alba*, acompañados con nanofanerófitos *Retanilla trinervis*, *Cestrum parqui*, *Podanthus mitiqui* y la hemicroptófita *Adiantum sulphureum*. Además, de la presencia de las hierbas terófitas: *Anthriscus caucalis*, *Avena barbata*, *Bromus berteroanus* y *Vulpia myuros*. El hallazgo consiste en un aporte complementario acerca de la corología del taxón y revela la falta de información disponible de su distribución, debido a la ausencia de registros en la pre-cordillera de Los Andes de Chile Central. Se estimó la extensión de la presencia, área de ocupación y se reevaluó su estado de conservación.

89) CONFLICTOS SOCIO-AMBIENTALES EN LA COSTA DE VALPARAÍSO: FLORA NATIVA DE CONCÓN-RITOQUE Y LOS MOLLES AMENAZADA POR EL AVANCE INMOBILIARIO

Pasten F[1], Manríquez H[2], Moreira-Muñoz A[3], [1]Instituto de Geografia, Ciencias del Mar y Geografia, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[2]Instituto de Geografía, Facultad de Historia, Geografía y Ciencia Política, Pontificia Universidad Católica de Chile.[3]Instituto de Geografía, Facultad de Ciencias del Mar y Geografía, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Chile central ha sido reconocido como un *hotspot* de biodiversidad. Ello da cuenta, para el caso de la flora nativa, de un alto nivel de endemismo a nivel de géneros y especies. Un buen ejemplo de ello son los ecosistemas costeros de la región de Valparaíso. La zona costera de esta región ha experimentado durante los últimos años un fuerte crecimiento del sector inmobiliario. La comodidad, vista al mar y proximidad a áreas metropolitanas han sido factores importantes en la materialización de numerosos proyectos a lo largo de la costa entre Los Molles y Santo Domingo. Este avance inmobiliario, en algunos casos transgrede incluso los límites de los espacios protegidos, o aquellos declarados como prioritarios para su futura conservación. Se estudió en particular la situación de la costa de Los Molles, Dunas de Ritoque y Concón, localidades que ya han sufrido la pérdida del patrimonio natural o se encuentran en peligro inminente de perderlo. Se analizó por un lado los proyectos inmobiliarios ejecutados y en etapa de proyecto en estas localidades y se evaluó a partir de listas florísticas publicadas y el trabajo de campo, las especies nativas y endémicas potencialmente amenazadas. Los resultados arrojan la presencia de 171 especies nativas y 91 especies endémicas para Concón-Ritoque, mientras que 213 especies nativas y 121 especies endémicas para Los Molles. Se evaluó las formas de vida, elementos florísticos y rangos de distribución de las especies y se analizó mediante superposición de coberturas el potencial impacto de nuevos proyectos en las localidades.

Fondecyt 1150425

91) ADAPTACIONES LOCALES MODULAN LAS INTERACCIONES DE LA PLANTA CARNÍVORA *DROSERA UNIFLORA* CON PLANTAS NODRIZAS DE COJÍN Y ARBUSTIVAS

Orellana Medina J I[1], Valdivia Prats C E[2], [1]Vicerrectoría de Investigación y Postgrado, Escuela de Postgrado, Doctorado en Ciencias c/m Conservación y Manejo de Recursos Naturales, Universidad de los Lagos.[2]Ciencias Biológicas y Biodiversidad, Ciencias Biológicas y Biodiversidad, Universidad de los Lagos. (Sponsored by Gonzalo Gajardo)

Organismos con baja dispersión de propágulos presentan flujo génico limitado, conduciendo a estructuración genética. Esto puede gatillar adaptaciones locales que podrían expresarse en la relación con otros organismos, como plantas nodrizas. La planta carnívora *Drosera uniflora* dispersa semillas barocóricamente, asociándose a nodrizas de tipo cojín (*Donatia fascicularis*) y arbustivas (*Chusquea nigricans, Lepidothamnus fonkii,* etc). Los objetivos son: (i) describir la asociación entre *D. uniflora* y sus nodrizas (cojines y arbustos); y (ii) evaluar los efectos de las nodrizas (cojines y arbustos) sobre la germinación de *D. uniflora*. En parcelas de superficie variable se determinó la abundancia de plantas carnívoras al interior, borde y fuera de las nodrizas. Mediante trasplantes recíprocos se evaluaron los efectos de las nodrizas sobre la germinación de *D. uniflora*. En los cojines, la abundancia de *D. uniflora* fue dos veces mayor dentro que en el borde o fuera de éstos. En los arbustos, la abundancia fue tres veces mayor en el borde que dentro o fuera de éstos. La germinación fue afectada por el origen de las semillas (cojín o arbusto) y por las nodrizas donde fueron sembradas (cojín o arbusto), siendo cinco veces mayor en semillas provenientes de cojines y sembradas en cojines, que sembradas en arbustos, independientes del origen. Se sugieren adaptaciones locales, debido a un limitado flujo génico, siendo importantes para la conservación de la planta carnívora y su entorno. FNI06/16, Universidad de Los Lagos.

Proyecto FNI06/16, Universidad de Los Lagos.

93) UREDINALES ASOCIADOS A *LUPINUS* DE LA REGIÓN DE ARICA Y PARINACOTA (UREDINALES ASSOCIATED TO *LUPINUS* AT ARICA AND PARINACOTA REGION)

Belmonte M[1], Sepúlveda G[2], Huanca W[3], [1]Biología, Ciencias, Universidad de Tarapacá.[2]Recursos Ambientales, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Tarapacá.[3]Producción Vegetal, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Tarapacá.

En un estudio de diversidad de microorganismos asociados a plantas nativas y endémicas de precordillera y altiplano de la Región de Arica y Parinacota, se localizaron poblaciones regulares de Uredinales en dos Fabaceae (*Lupinus oreophilus* y *Lupinus* sp.) que habitan en precordillera y sobre los 3500 msnm en las laderas del volcán Taapaca, región de Arica y Parinacota, respectivamente. Muestras de los hongos se observaron con microscopía óptica y electrónica de barrido (SEM). Se midieron estructuras de valor taxonómico de acuerdo a los criterios establecidos por Cumming, Hiratzuka (1980) y Buriticá. Sobre *Lupinus oreophilus* y *Lupinus* sp. se determinó el estado uredínico y aeciospórico. Se aisló DNA genómico de cada hongo y la región intergénica ITS2 del DNA ribosomal fue amplificada mediante PCR utilizando los primers ITS3 e ITS4. Cada región ITS2 amplificada fue secuenciada y ensamblada. Sobre *Lupinus* sp. se determinó *Uromyces* sp. nv.4. El análisis tipo BLASTn mostró que estas secuencias presentan una homología no superior a 88% con los géneros *Puccinia* y *Uromyces*, pudiendo corresponder a especies no descritas. Los autores agradecen al Proyecto Mayor Universidad de Tarapacá 2015 "*Tillandsia landbecki*: biocenosis de una planta extrema", código 9711-15.

Dirección de Investigación Universidad de Tarapacá

95) RESPUESTA MORFOANATÓMICA DE DOS ESPECIES DEL GÉNERO *UGNI* A DIFERENTES CONDICIONES AMBIENTALES.

Gallardo J[1], Díaz H[1], Valenzuela G[1], **Naulin P I[2]**, [1]Laboratorio Biología de Plantas, Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile.[2]Silvicultura y Conservación de la Naturaleza, Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile. (Sponsored by Paulette I. Naulin)

La amplitud de la distribución espacial de las plantas depende de la capacidad adaptativa que tengan las especies a diferentes condiciones ambientales. Rasgos foliares que se han relacionado con variables ambientales son la densidad y tamaño de los complejos estomáticos. Entonces las respuestas de los rasgos foliares deberían variar en forma similar en diferentes especies que cohabitan diferentes localidades. Hojas de *Ugni candollei* (Uc) y *Ugni molinae* (Um) de tres poblaciones contiguas en la Región de Los Lagos, Chile fueron colectadas y diafanizadas según el protocolo de Dizeo de Stritmatter (1973). Luego fueron microfotografiadas y medidas con el programa ImageJ. Las variables medidas fueron área y perímetro foliar, largo, ancho y densidad del complejo estomático. Los datos fueron analizados con Kruskal-Wallis y correlación de Pearson. Los resultados muestran variación en densidad estomática entre especies y poblaciones ($p<0.001$). Um presenta una relación inversa entre la densidad estomática y área foliar (cor:-0.44 $p<0.001$). Características estructurales del complejo estomático (largo) se correlacionan negativamente con la densidad estomática para Uc y Um (cor:-0.32; cor:-0.31 $p<0.05$ respectivamente). Ambas especies presentan respuestas morfo-anatómicas similares frente a mismas condiciones ambientales. Sin embargo, Uc se agrupa en las poblaciones costeras separando a la de interior. A diferencia Um agrupa las poblaciones ubicadas en el sur separando la del norte. Uc es una especie costera, mientras que Um presenta una amplia distribución que le permitiría responder latitudinalmente a las diferentes condiciones donde se ubican las poblaciones.

97) EVOLUCIÓN DEL NICHO CLIMÁTICO EN EL GÉNERO *ESCALLONIA* (ESCALLONIACEAE) EN SUDAMÉRICA

Dibán M[1], Hinojosa L[2], [1]Ciencias Ecologicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.[2]Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

A escala global se ha documentado que el gradiente de riqueza de familias de angiospermas está asociado principalmente con el clima actual; pero también con su historia. Así, la mayor diversidad se concentra en las regiones tropicales, disminuyendo hacia las zonas templadas y polares. A su vez, en el ecuador se concentran los clados más antiguos mientras que clados más jovenes se distribuyen hacia altas latitudes. De éste modo se ha propuesto que las angiospermas distribuidas en regiones templadas más jóvenes estarían anidadas a linajes tropicales más antiguos y el desarrollo de la tolerancia al frío sería producto de los cambios climáticos ocurridos durante el Cenozoico. Sudamérica está enmarcado en un contexto biogeográfico y climático asociado al desmembramiento de Gondwana, alzamiento de la Cordillera de los Andes y la emergencia de la Diagonal Árida, lo cual llevó a la distribución disyunta en diversos géneros. El género *Escallonia* está compuesto por 39 especies distribuidas mayoritariamente a lo largo de la Cordillera de los Andes desde Costa Rica hasta Tierra del Fuego. En este trabajo se responderán las siguientes preguntas: (1) ¿En qué clima se originó el género *Escallonia*?, y (2) dada su distribución actual y la filogenia ¿cómo evolucionó su nicho climático? Nuestros resultado muestran que *Escallonia* se habría originado bajo condiciones mesotermales, y que su nicho climático habría evolucionado bajo el modelo de selección estabilizadora Ornstein-Uhlenbeck, siendo un modelo con uno o más óptimos.

FONDECYT 1150690, IEB PO-5 y PFB-23.

99) VIABILIDAD DE SEMILLAS DE *CHLORAEA BLETIOIDES* Y *C. CHRYSANTHA* SOMETIDAS A DIFERENTES ESTRATEGIAS REPRODUCTIVAS

Lara S[1], Lara S[1], Muñoz-Tapia L[1], Pereira G[2], Atala C[1], [1]Laboratorio de Anatomía y Ecología Funcional de Plantas, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[2]Lab. Biotecnología de Hongos, Campus Los Ángeles, Universidad de Concepción.

Las Orchidaceae presentan una de las estrategias reproductivas más complejas. Sin embargo, poco se sabe de la biología reproductiva de las especies chilenas. En la naturaleza, la polinización ocurre de distintas formas: autogamia (por polen de la misma flor), geitonogamia (entre flores distintas de la misma planta), xenogamia (entre flores de plantas diferentes pero de la misma especie) y, en algunos casos, el cruce entre individuos de diferentes especies que podrían dar origen a híbridos viables. *Chloraea chrysantha* y *C. bletioides* son orquídeas endémicas de Chile que están presentes simpátricamente en la región de Valparaíso. En el presente estudio, se les aplicó de forma artificial a ambas especies cuatro estrategias reproductivas: autogamia, geitonogamia, xenogamia y cruce interespecífico. Los individuos fueron colectados de poblaciones naturales de la V región y trasplantados a un invernadero ubicado en el Campus Curauma de la PUCV. Se utilizaron cinco flores de cada especie para cada estrategia reproductiva, realizando polinización manual en todos los casos. Las flores fueron luego cubiertas con malla fina para evitar intercambio de polen por insectos. Se obtuvieron cápsulas que se pesaron y analizaron el porcentaje de viabilidad de las semillas obtenidas de los cruces usando el test del tetrazolio. Los pesos de las cápsulas obtenidas fueron similares en todas las estrategias aplicadas, sugiriendo que ocurre fertilización en todos los casos. Los porcentajes de viabilidad más altos se registraron con autogamia, geitonogamia y xenogamia, los que fueron superiores al 50%, mientras que en los cruces interespecíficos no se obtuvieron semillas viables. Los resultados sugieren que ambas especies presentan el potencial para usar diferentes estrategias reproductivas, aunque no pueden formar híbridos, como sucede con otras especies de *Chloraea*. Se requieren más estudios para entender las consecuencias ecológicas de esta estrategia reproductiva y conocer la identidad de los polinizadores.

Agradecimientos: Proyecto DI-Regular 039.333/2016 (VRIEA, PUCV)

101) VARIACIÓN DE MORFOLOGÍA FOLIAR ENTRE DICOTILEDÓNEAS LEÑOSAS UBICADAS EN AMBIENTES CONTRASTANTES DE CHILE.

Muñoz J[1], Hinojosa L[2], [1]Ecología , Ciencias, Universidad de Chile.[2]Paleobotánica, Ciencias , Universidad de Chile.

Variaciones entre características foliares y clima se conocen como relaciones de fisionomía foliar y clima, las que han sido descritas a nivel global. Entre ellas es conocido que la temperatura se correlaciona significativamente con el número de dientes, perímetro interno, área ocupada por los dientes, entre otros. Mientras que la precipitación se correlaciona significativamente con el área de la hoja y relación área de dientes con área total. Conociendo que Chile tiene un amplio rango de variabilidad climática a lo largo de su rango latitudinal, este trabajo de investigación tiene como objetivo establecer la relación clima – fisionomía vegetal en Chile y su contexto en la relación global. Para se estudiaron tres sitios, La Campana (LAT), Queulat (LAT) y Punta Arenas (LAT) distribuidos a lo largo del gradiente latitudinal en Chile. Para cada uno de estos sitios se registraron 21 caracteres fisionómicos foliares de dicotiledóneas leñosas presentes en cada localidad. Se realizaron análisis de regresión para de estos caracteres foliares y variables de temperatura (Media Anual) y precipitación (Media Anual) incorporando a Chile dentro del contexto global. Se espera que dado al gradiente en temperatura y precipitaciones para las tres localidades, estas se separen entre sí de acuerdo a lo predicho por los modelos globales.

Agradecimientos:FONDECYT 1150690 ICM MINECOM P05-002 IEB; PFB-23

103) COMPARACIÓN DE LA COMUNIDAD DE HONGOS ENDÓFITOS ENTRE LA FILÓSFERA Y RIZÓFORAEN UNA POBLACIÓN DE ARISTOLOCHIA CHILE*NSIS* (ARISTOLOCHIACEAE)

González M[1], Guevara M J[1], [1]Biología Universidad de La Serena.

Los hongos endófitos habitan los tejidos de las plantas (hojas, raíces y tallos) en forma asintomática, pudiendo favorecer el desarrollo de ésta. Sus comunidades son altamente diversas, estando influenciadas por las condiciones bióticas y abióticas del hospedador. Estudios sugieren que la variabilidad ambiental afecta altamente la estructura de la comunidad de HE en los tejidos de la planta huésped. Debido a que la filósfera, en comparación con la rizósfera, se enfrenta constantemente a un ambiente más heterogéneo, con fluctuaciones de temperatura, humedad y radiación UV, se ha sugerido que la diversidad de HE es mayor en los tejidos foliares en comparación con los tejidos radiculares dentro de una misma planta hospedera. El presente estudio tiene como objetivo poner a prueba esta hipótesis, comparando la estructura de la comunidad de HE entre hojas y raíces en una población de *Aristolochia chilensis* (Aristolochiaceae) en la localidad de Totoralillo, Coquimbo. Se colectó hojas y raíces de 10 plantas de *A. chilensis* para proceder posteriormente con la esterilización del material, cultivo y aislamiento de HE, extracción de ADN e identificación molecular mediante la amplificación del gen 18S rRNA. Se encontró diferencias significativas en la estructura de ña comunidad de HE entre los tejidos de *A. chilensis*. La riqueza de HE fue significativamente mayor en hojas que en raíces, mientras que la prevalencia total de HE fue mayor en raíces.Mientras en hojas cuatro especies de hongos dominan la comunidad, en raíz hay sólo un hongo dominante. Los resultados muestran que la comunidad de HE puede variar considerablemente entre tejidos, incluso dentro de una misma planta. Factores ambientales podrían explicar estas diferencias, aunque esto última aún debe ser estudiado en detalle.

Fondecyt Nª 11130039

105) PROPUESTAS PARA SOLUCIONAR LOS IMPEDIMENTOS LEGALES PARA EL ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD VEGETAL EN CHILE

Larraín J[1], Marticorena A[2], García N[3], [1]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[2]Departamento de Botanica, Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[3]Departamento de Silvicultura y Conservación de la Naturaleza, Facultad de Ciencias Forestales y de la Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile.

El estudio de la diversidad biológica de un país requiere de la correcta identificación de sus colecciones científicas mediante la observación y, muy frecuentemente, de la comparación con material tipo o ejemplares de colecciones internacionales reportados en la literatura. En el contexto botánico nacional, esta actividad requiere de la internación a Chile de material herborizado procedente de otros países, así como del envío de material a especialistas extranjeros, para ser estudiados y devueltos a la institución que realiza el préstamo. Nuestro país no cuenta con regulación alguna para la importación de material vegetal con fines académicos, y ejemplares de herbario son regularmente retenidos por personal del Servicio Agrícola y Ganadero al momento de ingresar, dificultando la actividad profesional de los taxónomos nacionales. Material de herbario patrimonial que ha salido al extranjero en calidad de préstamos desde herbarios nacionales, así como colecciones realizadas en países limítrofes u otros, y bulbos o semillas de especies de interés científico, no pueden ingresar legalmente al país por no estar debidamente reglamentados. La presencia de tierra incidentalmente adherida a colecciones de herbario constituyen un impedimento adicional para su ingreso al país bajo la legislación vigente. Países que cuentan con políticas de protección fitosanitarias similares o incluso más estrictas que las chilenas, como los EE.UU., Nueva Zelanda o Australia, cuentan con normativas y regulaciones especiales para el ingreso legal de material biológico para investigación científica, permitiendo que los investigadores de estos países puedan desarrollar su actividad profesional y contribuir a aumentar el conocimiento de la biodiversidad con todos los beneficios que este conlleva. Chile necesita con urgencia la implementación de políticas que regulen el ingreso de material vegetal para investigación científica, y la creación de protocolos que permitan la entrada de muestras vegetales que puedan eventualmente traer tierra adherida a las estructuras de los ejemplares de herbario que han sido previamente tratados mediante congelamiento y/o plaguicidas. Estos métodos junto con el correcto manejo de las muestras en el herbario, deben asegurar la protección fitosanitaria y al mismo tiempo permitir el desarrollo profesional de la taxonomía vegetal en Chile.

JL agradece el financiamiento del proyecto postdoctoral FONDECYT N° 3160556.

107) **EFECTO DE MATERIAL PARTICULADO EN LA MORFO-ANATOMÍA DE *QUILLAJA SAPONARIA*, SANTIAGO, CHILE.**

Egas C[3], Préndez M[1], Hernández J[2], **Naulin P I[3]**, [1]Química Orgánica y Fisicoquímica, Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.[2]GEPS, Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile.[3]Laboratorio Biología de Plantas, Ciencias Forestales y Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile. (Sponsored by Paulette I. Naulin)

Los árboles urbanos son capaces de retener o absorber contaminantes atmosféricos, regulando la calidad del aire. En este trabajo se analizó el efecto del material particulado (MP) sobre la morfo-anatomía de hojas de *Quillaja saponaria* de Santiago, Chile. Hojas maduras de diez individuos de *Quillaja saponaria* se colectaron en nueve estaciones de monitoreo de calidad del aire entre dic-2015 y ene-2016. MP se analizó desde la base de datos pública de cada estación de monitoreo entre nov-2014 y ene-2016. El estudio consideró las variables de área y perímetro foliar, largo, ancho y densidad de estomas, y espesor del tejido dermal y componentes del mesófilo. La cuantificación de las variables se realizó en microfotografías con el programa ImageJ. El análisis estadístico se evaluó con la prueba de Kruskal-Wallis y el coeficiente de correlación de Pearson. Los resultados indican que la densidad estomática de la epidermis adaxial y el espesor del parénquima en empalizada de la hoja se ve afectada inversamente por la concentración de MP2,5 (cor:-0,39; cor:-0,41, $p<0,005$) y por el número de días de exposición a MP (cor:-0,33; cor:-0,53, $p<0,005$). El ángulo de inserción de la hoja en la rama permitiría una mayor intercepción y captura de MP2,5 en epidermis adaxial; y la exposición prolongada a altas concentraciones de MP afectaría la integridad de las células fotosintéticas. Este trabajo entrega los primeros antecedentes del efecto de MP sobre la morfo-anatomía de hojas de *Quillaja saponaria* en Santiago, Chile.

109) DIVERSIDAD DE HONGOS ENDÓFITOS RADICULARES EN *ARISTOLOCHIA CHILENSIS* (ARISTOLOCHIACEAE) A TRAVÉS DE UN GRADIENTE DE ARIDEZ

Guevara Araya M J[1], González Teuber M[1], Escobedo V. M ,[1]Biología, Biología, Universidad de La Serena.

Todas las plantas hospedan diversos microorganismos, incluyendo bacterias, micorrizas y hongos endófitos (HE). Los HE crecen dentro del tejido vegetal, asintomáticamente, generando posibles beneficios a la planta hospedadora. La comunidades de HE son extremadamente complejas, sin embargo los factores ambientales que determinan su estructura es poco conocida. Estudios sugieren que la diversidad de HE se asocia positivamente con las precipitaciones. El siguiente trabajo busca responder si la diversidad de HE asociados a la planta *Aristolochia chilensis* disminuye a lo largo de un gradiente de aridez. Se trabajo con tres poblaciones que varían en su índice de aridez: Huasco (H: hiperárido), Totoralillo (T: árido) y Quilimarí (Q: semiárido) Se espera que la estructura de las comunidad sea diferente entre las poblaciones, y la abundancia de HE siga la siguiente relación H < Q < T. Se colecto material radicular de 10 plantas *A. chilensis* provenientes de las poblaciones para aislar los HE, extraer ADN e identificarlos molecularmente. La comunidad de HE es distinta entre las poblaciones. Se encontró que la abundancia y riqueza siguió la siguiente relación H < Q < T. Los resultado no muestran una relación entre la abundancia de HE y la aridez, sin embargo la disponibilidad hídrica dentro de cada población resultó ser un factor determinante en la riqueza y abundancia de los HE.

111) ¿CÓMO VARÍAN LAS HOJAS EN UN GRADIENTE LATITUDINAL? RELACIONANDO MORFOLOGÍA, MORFO-FISIOLOGÍA Y CLIMA EN EL GÉNERO *NOTHOFAGUS*.

Diaz S[1], Hinojosa L F[1], [1]Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Las características morfológicas de las hojas están estrechamente relacionadas con el clima, por lo que éstas han sido usadas por paleobotánicos para estimar condiciones climáticas pasadas. A su vez, el tamaño de los estomas y la densidad estomática han mostrado relación, en algunas especies, con la temperatura y precipitación, producto de la compensación entre la pérdida de agua y la captación de dióxido de carbono. El presente estudio analiza la variación en morfología foliar y características morfo-fisiológicas de los estomas de dos especies del género *Nothofagus* (*N. dombeyi* y *N. nitida*) a lo largo de un gradiente latitudinal, con el fin de evaluar el efecto del clima en dichas variables. Para ello se incluyen 21 rasgos foliares, tamaño de estomas y densidad estomática de individuos provenientes de localidades entre los 35.8 - 45.5°S y 70.9 - 73.8°O. Para ambas especies, se encontró que los individuos de zonas con menor variación en temperatura y condiciones menos extremas en períodos fríos y secos presentan hojas más grandes, más redondas y estomas de mayor tamaño. Se espera que al incluir localidades del extremo sur de Chile se refuerce esta relación, y que los parámetros relacionados al tamaño de hojas y estomas de estas especies puedan ser usados como estimadores de condiciones climáticas pasadas.

Agradecimientos: FONDECYT 1150690; ICM MINECOM P05-002 IEB, PFB-23.

113) COMPARACIÓN FISONÓMICA-FOLIAR ENTRE HOJAS DE HERBARIO Y DE HOJARASCA DE LA VEGETACIÓN DEL RÍO CAUNAHUÉ, XIV REGIÓN DE CHILE

Wandersleben K[1], Hinojosa L F[1], [1]Paleoecología, Ciencias, Universidad de Chile.

Estimaciones paleoclimáticas utilizando rasgos asociados a hojas se basan en la estrecha relación moderna entre fisionomía foliar y clima. Algunas de estas relaciones establecen que hojas grandes y sin dientes están asociadas a climas tropicales (caluroso y lluvioso), mientras que hojas pequeñas y dentadas se relacionan con climas templados. Sin embargo, estas relaciones modernas usan hojas de especies representativas de localidades boscosas y sin daño en su lámina, mientras que el conjunto de hojas presentes en una cuenca de depositación fósil representa un subset del ensamble original, pasando por un proceso tafonómico que puede variar la relación fisionomía-clima. Estudios previos han demostrado que en climas fríos los sesgos disminuyen y estimaciones climáticas se acercarían a valores reales. Debido al carácter frío del clima de Caunahué, se espera que no existan diferencias fisonómicas entre herbario y hojarasca. El objetivo de este trabajo fue comparar las fisionomías foliares de muestras provenientes de herbario y hojas de hojarasca, en busca de diferencias significativas entre sí y establecer los posibles sesgos asociados para generar análogos modernos que otorguen resultados más precisos. Para ello se analizaron 21 rasgos del análisis foliar digital para hojas de herbario y hojarasca de la vegetación que rodea el Río Caunahué, XIV región de Chile.

Financiamiento Fondo basal Proyecto P05-002- ICM; Fondecyt 1120215; Fondecyt 1110929.

115) ANATOMÍA FOLIAR Y MICROMORFOLOGÍA DE LA LEMMA DE *HIEROCHLOE* (POACEAE: ANTHOXANTHINAE) EN SUDAMÉRICA AUSTRAL

Villalobos N[1], Finot V[2], [1]Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.[2]Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía, Universidad de Concepción.

En la familia Poaceae se han utilizado tradicionalmente caracteres anatómicos y micromorfológicos de la hoja y lemma, para delimitar géneros y especies. *Hierochloe* R. Br. (Poaceae: Anthoxanthinae) comprende unas 40 especies distribuidas principalmente en zonas templadas y frías del mundo, con excepción de África. En América austral se distribuye desde Concepción hacia el sur en Chile, y desde Neuquén hasta Tierra del Fuego en Argentina, donde se reconocen siete especies, de las cuales seis, son endémicas. Para la clasificación taxonómica se han utilizado caracteres anatómicos de la hoja y caracteres morfológicos de la lámina e inflorescencias. Debido al amplio rango de variación morfológica dentro del género, los límites específicos frecuentemente se sobreponen, siendo difícil establecer caracteres diagnósticos para delimitar especies. Se estudió la epidermis abaxial y adaxial en vista superficial, cortes transversales de la lámina y epidermis abaxial de la lemma de 70 especímenes utilizando microscopía óptica y electrónica de barrido. Mediante análisis estadísticos univariados, se logró establecer caracteres útiles para distinguir las siete especies de *Hierochloe* que habitan en Sudamérica Austral. Adicionalmente, se propone la revalidación de *H. moorei*, actualmente considerada un sinónimo de *H. redolens.*

Financiamiento aportado por Grupo de Investigación de Química y Biotecnología de Productos Naturales Bioactivos N° 132209GI-C, Universidad del Bío-Bío, Chillán.

Agradecimientos a Proyecto Conicyt-Fondequip N°EQM140088, Departamento Ciencias Básicas, Universidad del Bío-Bío, Chillán.

117) BIOTA LIQUENOLÓGICA DE ISLA LAGOTELLERIE, BAHÍA MARGARITA, ANTÁRTICA

Mardones S[1], Riquelme Valdes F[1], Vargas Castillo R[1], [1]Herbario Federico Johow, Depto Biología, Ciencias Básicas, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación.

De la biota liquenológica de la Antártica se han logrado describir cerca de 427 taxones, y si bien se reconoce una alta diversidad, el conocimiento en algunas zonas libres de hielo es aun escaso. La Isla Lagotellerie (Zona Antártica Especialmente Protegida n°115) se encuentra en Bahía Margarita, Graham Land, aproximadamente a los 67º53'S y 67º25'W. Esta isla cuenta con la presencia de las dos únicas especies de plantas vasculares antárticas nativas, junto con briófitos y líquenes, en una superficie de un poco menos de dos kilómetros cuadrados (1,58 km^2). Si bien existe un plan de manejo para esta ZAEP, no existe un conocimiento claro de las especies de líquenes presentes en el lugar. El objetivo de este trabajo es determinar la biota liquenológica de la Isla Lagotellerie. Para su determinación se consideraron caracteres morfológicos (vegetativos y reproductivos), anatómicos y químicos. El material colectado está depositado en el Herbario Federico Johow de la Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación. En el estudio se identificaron 35 taxones, el orden predominante de los registros es el de *Telochistales* (14 especies) y *Lecanorales* (12), y de 8 géneros diferentes, el género *Caloplaca* (4 especies) y *Amandinea* (4) resultando un total de 35 especies. Estos resultados corresponden al primer listado de especies pertenecientes a la Isla, y serán incorporados al plan de manejo de la ZAEP correspondiente.

Se agradece al Instituto Antártico Chileno y a la Armada de Chile por el apoyo logístico. Este trabajo fue financiado por el proyecto INACH RT_01-13.

119) REPORTE CITOTAXONÓMICO DE LAS ESPECIES DE LA TRIBU SCHIZOPETALAE (BRASSICACEAE) EN CHILE

Toro-Nuñez O[1], Baeza C[1], Ruiz-Lozano A[1], Ruiz-Ponce E[1], [1]Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. (Sponsored by Carlos Marcelo Baeza Perry)

La tribu Schizopetalae (Brassicaceae) se compone de tres géneros (*Schizopetalon*, *Mathewsia* y *Atacama*), los que están presentes en Chile, Argentina y Perú. El conteo cromosómico de este grupo es virtualmente desconocido, ya que solo cuenta con inconclusos reportes para *S. walkeri* hechos por Al-Shehbaz (n=10; 1989) y Manton (2n=18; 1932). Dada la falta de información citotaxonómica en un grupo con taxa primordialmente endémicos para Chile, presentamos recuentos cromosómicos de un grupo de especies representativas en cada género. Observando placas metafásicas se detectó una alta conservación en el número diploide especifico y se confirma un 2n=18, el que está presente en todas las especies y géneros analizados. Adicionalmente, análisis poblacionales preliminares sugieren diferencias en el nivel de simetría en los cromosomas, los que resultaron en fórmulas haploides 6m + 2sm + 1st en especies de *Schizopetalon* subclado Atacama, 8m + 1sm en *M. auriculata* y 7m + 2sm para *A. nivea*. En caso de que estas fórmulas sean constantes para el resto de los taxa de Schizopetalae, estos resultados pueden tener implicancias novedosas en el uso de caracteres citotaxonómicos para grupos de especies o géneros de Schizopetalae.

FONDECYT Postdoctoral 3160453

121) SISTEMÁTICA MOLECULAR DE *ERIOSYCE* (CACTACEAE): CONSOLIDACIÓN DEL GÉNERO AMPLIADO Y SU EXCEPCIONAL RADIACIÓN EN EL OESTE DE SUDAMÉRICA.

Guerrero P C[1,3], Walter H E[2], Peña-Hernández C[1], Arroyo M T K[3], Tamburrino Í[3], [1]Laboratorio BIOMAS, Departamento de Botánica Universidad de Concepción.[2]Cactaceae ex-situ & in-situ conservation The EXSIS Project.[3]IEB Instituto de Ecología & Biodiversidad.

Las cactáceas conforman un grupo de angiospermas que se caracterizan por su rápida diversificación producto de la expansión de las zonas áridas de América, la labilidad de sus formas de crecimiento y síndromes de polinización. La rápida diversificación y masiva convergencia morfológica de varios de sus linajes ha complicado la circunscripción taxonómica de varios géneros. De los grupos presentes en Chile, *Eriosyce sensu lato* es el género más controversial debido al uso no unificado de diferentes clasificaciones taxonómicas a nivel científico, gubernamental y en gestión ambiental. El objetivo de este estudio fue testear la hipótesis que plantea que el grupo *Eriosyce sensu lato* corresponde a un grupo monofilético, y por lo tanto, correspondería a una agrupación natural que junta a especies de un mismo linaje. Para ello, evaluamos la posición sistemática de >70 taxa de *Eriosyce sensu lato* en relación con 11 grupos externos de la tribu Notocacteae, basándonos en inferencias filogenéticas derivados de algoritmo de Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana y considerando cuatro marcadores de DNA plastidial (*rpl32F-trnL, trnL-trnF, Ycf1* y *trnH-psbA*). Los resultados de nuestros análisis apoyan repetidamente que *Eriosyce sensu lato* correspondería a un grupo monofilético de la tribu Notocacteae, siendo el género *Parodia* y el clado conformado por los géneros *Neowerdermannia*, *Yavia* y *Rimacactus* sus grupos más cercanos. Asimismo, nuestros análisis apoyan la inclusión de géneros anteriormente considerados como grupos separados dentro de *Eriosyce* (e. g. *Pyrrhocactus*, *Islaya*, *Neoporteria*, *Horridocactus*) al ser ellos parte de un mismo linaje. Además, se sugiere desechar el concepto "*Thelocephala*" que agrupa a las especies con crecimiento geófito, pero que se ubican en distintos linajes siendo la geofitismo un rasgo convergente. El linaje *Eriosyce* habría experimentado una rápida diversificación ocupando diversas zonas climáticas y áreas geográficas. Nuestro estudio sugiere que los nombres genéricos distintos a *Eriosyce* deben tender al desuso (excepto para referirse a subclados), debido a que en su mayoría no conforman clados monofiléticos o su aplicación queda subordinada al nombre genérico '*Eriosyce'*. Finalmente, el no uso del género ampliado subestima la real riqueza taxonómica de *Eriosyce*, y por ende, oculta los mecanismos que participaron en su origen.

FONDECYT 3130456 y 1160583, ICM P05-002.

123) PRIMERA COLECCIÓN DE *MYXOMYCETES* EN CHILE

Sepúlveda-Valenzuela G, Pérez-Orellana D[1], Sandoval-Leiva P[1], [1]Área de Botánica Museo Nacional de Historia Natural.

Se dará a conocer el artículo en desarrollo sobre la colección de *Myxomycetes* del Herbario SGO. El objetivo principal de este trabajo consiste en generar un listado de las colecciones de *Myxomycetes* ingresadas al museo en el contexto de la conformación de la primera colección oficial de *Myxomycetes* en Chile del Herbario SGO perteneciente al Museo Nacional de Historia Natural de Chile (MNHN). Para ello, se consideró tanto las colecciones ingresadas recientemente por los autores de este artículo, como también aquellas colecciones que fueron ingresadas anteriormente. Se describe la representatividad a lo largo de Chile de la colección, dando cuenta de la presencia geográfica de las especies ingresadas. Además se propone un protocolo de ingreso para las fructificaciones y se incluyen metodologías para el estudio, colecta y ordenamiento de colecciones perteneciente al área curatorial del Área de Botánica del MNHN.

125) SINOPSIS TAXONÓMICA DE LAS PLANTAS SILVESTRES COMESTIBLES DE CHILE

Galvez F, Cordero S[1], Abello L[2], Carvallo G O[1], [1]Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.[2]Biblioteca Doñihue Biblioteca Doñihue - Chile Bosque. (Sponsored by Gaston Carvallo Bravo)

En Chile las plantas silvestres comestibles (PSC) jugaron un rol importante en la dieta de diversos pueblos originarios. Sin embargo, la pérdida del conocimiento ancestral en torno a sus usos, así como el abandono de la práctica recolectora causaron su marginación de las dietas modernas. El objetivo de este trabajo fue construir una base de datos que permitió estimar el número de plantas comestibles presentes en el país para cada región política. Para esto se revisó la información de PSC del mundo disponible en 46 libros, 18 artículos de corriente principal y 1 catálogo, extrayendo la información de especies presentes en Chile descritos en Marticorena y Quezada (1985), Matthei (1995), Zuloaga *et al.* (2008) y Fuentes *et al*. (2013). Las PSC de Chile se componen de 657 especies (53% nativas y 47% exóticas), las cuales se agrupan en 382 géneros y 120 familias. Las familias más representadas son Asteraceae (14% del total de las PSC), Poaceae (8%) y Fabaceae (7%). En términos geográficos, las regiones centrales de Chile concentraron la mayor riqueza de PSC, con la VIII región concentrando el mayor número (372 especies), seguida de la V región (357 esp.) y la VII región (334 esp.). Las regiones más extremas de nuestro país concentraron la menor riqueza de PSC, siendo la XI región la que presentó menor riqueza (144 esp.), seguida de la I región (149 esp.) y de la II región (185 esp.). Funcionalmente, el órgano más utilizado para la alimentación en las PSC son las hojas (en 345 de las especies), semillas (175 esp.) y raíces (143 esp.). Nuestra base de datos permitirá contribuir a rescatar los usos de la flora nativa, así como incrementar el valor de la flora exótica, sirviendo de base a estudios de producción intensiva, mejoramiento genético de plantas, etnobotánica y de seguridad alimentaria.

Agradecimientos: FONDECYT Iniciación 11150301 - PUCV 122.741/2016

127) VARIABILIDAD FLORAL EN *MALESHERBIA* RUIZ & PAV. (PASSIFLORACEAE)

Bull-Hereñu K[1], [1]Sección Botánica Museo Nacional de Historia Natural.

Malesherbia Ruiz & Pav. (Passifloraceae) es un género nativo de plantas herbáceas y arbustivas compuesto en Chile por 16 especies (25 taxa en total considerando variedades) que están presentes desde Arica hasta la región del Maule. Este trabajo busca presentar interesante diversidad floral del género desde la perspectiva de las proporciones variables. *Malesherbia* presenta una flor actinomorfa y pentámera con un androginóforo coronado por un estilo trífido, característico de la familia. El receptáculo de la flor se encuentra extendido formando un tubo floral, de cuyo borde surgen los lóbulos del cáliz y de la corola, además de una corona. Las flores de *Malesherbia* se agrupan por lo general en inflorescencias numerosas combinando organización cimosa y racemosa. A partir de esta conformación general, las distintas especies del género presentan variaciones en la apariencia de la flor e inflorescencia, dependiendo de la extensión y relativa importanca de cada una de sus partes. El tubo floral puede presentar una forma desde cónica a tubular; los lóbulos del perianto pueden estar abiertos o erectos; las anteras pueden ser exertas o insertas; y la corona puede ser una estructura tubular extendida o limitarse solo a un breve cordón. Concluimos que la combinación de las distintas configuraciones estructurales de cada uno de estos elementos, le proporciona a cada especie de *Malesherbia* una apariencia única en su despliegue floral.

Fondecyt 11150847

129) VIAJE AL PASADO: TRAZANDO LA DISTRIBUCIÓN Y MIGRACIÓN DE *SALVIA* S.L. ALREDEDOR DEL MUNDO

Will M[1], Claßen-Bockhoff R[2], [1] Landesmuseum Natur und Mensch Oldenburg.[2]Institut für Spezielle Botanik Johannes Gutenberg-Universität. (Sponsored by Kester Bull)

Durante casi dos siglos Salvia *L. ha sido conocido como el género con mayor número de especies dentro de las labiadas. Sin embargo*, estudios moleculares recientes han indicado que en realidad se trata de un grupo polifilético compuesto por cuatro linajes (I-IV) intercalando a otros cinco géneros de la familia. Acá presentamos un escenario para la historia de migración de *Salvia* s.l y sus clados basado en información filogenética, datos fósiles publicados y estimaciones de fechas de divergencia. Las especies del clado I (*Salvia* s.s.) se distribuyen ampliamente en el Viejo Mundo y Norteamérica pero con un probable origen en el sudeste asiático. Por el contrario, los clados II, III y IV reflejan patrones geográficos restringidos: clado II exclusivo de América, clado III distribuido desde el sudoeste asiático hasta África septentrional, y clado IV limitado a Asia oriental. De este modo, *Salvia* s.l. habría colonizado el Nuevo Mundo en dos ocasiones distintas y por rutas diferentes (subclado I-b Y clado II). Similarmente, Sudáfrica y las islas Canarias habrían sido colonizadas repetidamente.

Cooperación internacional Fondecyt 11150847

131) LO MEJOR DE AMBOS MUNDOS: VENTAJAS GENÉTICAS DE LOS SISTEMAS DE REPRODUCCIÓN MIXTOS EN *CALCEOLARIA* (The best of both worlds: genetics advantage of mixed reproductive systems in *Calceolaria)*

Murúa M[1], Pérez F[1], [1]Ecologia, Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica De Chile.

Tradicionalmente se ha planteado que la polinización cruzada sería más ventajosa que la autofecundación, debido a que mantendría altos niveles de diversidad genética. No obstante, en ambientes donde los polinizadores son fluctuantes o escasos, las plantas suelen desarrollar sistemas de reproducción mixto, lo que le permite a las especies autofecundarse sin perder la oportunidad y las ventajas de la polinización cruzada. En este estudio, evaluamos la relación de los sistemas reproductivos y la diversidad genética en dos especies de *Calceolaria*: *C. filicaulis* (alogama y auto-incompatible) y *C. lanigera* (autogama y auto-compatible). Para esto, se desarrollaron partidores microsatelites para ambas especies y con ello se caracterizó su variabilidad genética. Los resultados muestran que *C. filicaulis* (F) presentó una menor variabilidad genética que *C. lanigera* (L), reflejado en un menor número promedio de alelos por locus (Na: F= 2.0; L= 3.1), menor heterocigocidad (Ho: F= 0.1; L= 0.4) y diversidad genética (He: F= 0.2; L= 0.4). Globalmente, es posible concluir que contrario a lo esperado plantas con sistemas de reproducción mixto pueden presentar altos valores de diversidad genética, incluso mayores que aquellas especies alogamas exclusivas, posiblemente gracias a mecanismos genéticos compensatorios derivados de la autofecundación como medida de aseguramiento reproductivo y la polinización cruzada realizada por sus polinizadores.

Fondecyt PD3150267

133) DISTRIBUCIÓN DEL POLIMORFISMO RS693 DEL GEN APOLIPOPROTEINA B EN INDIVIDUOS DE AMBOS SEXO DE LA REGIÓN DE ANTOFAGASTA

Ramirez H[1], Rojas C[1], Arispe V[1], Bustos D[1], Henzi C[1], Lafertte N[1], Gálvez A[2], Salazar L[3], Escobar J[2], [1]Laboratorio de Genética, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta.[2]Laboratorio de Genética, Dpto. Biomédico, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta.[3]Dpto. Ciencias Básicas, Facultad de Medicina, Universidad de La Frontera. (Sponsored by Programa Semilleros de Investigación, Vicerrectoria de Investigación y Postgrado, Universidad de Antofagasta)

Los estudios de marcadores genético, han mostrado su importancia para evaluar la asociación entre la presentación de una variante alélica y la susceptibilidad a desarrollar enfermedades cardiovasculares. La caracterización e identificación de polimorfismos de riesgos pueden permitir una intervención temprana para reducir la morbimortalidad de la enfermedad. . Entre ellos, el polimorfismo rs693, localizado en el exón 26, del gen APOB, el cual ha sido relacionado con mayor riesgo cardiovascular e incremento de los niveles de LDL-C. Destacar que este tipo de estudios pilotos no han sido realizados con este gen en la región norte de Chile, por lo que es de suma importancia tener conocimiento sobre la participación que pueda tener gen a la hora de presentar ciertos polimorfismos., que han siso descritos como factores de riesgos para enfermedades cardiovasculares. Así, el objetivo del presente estudio fue evaluar en una población control que no ha sido diagnosticada, la distribución genotípica y frecuencia alélica del polimorfismo rs693 del gen APOB y su efecto sobre las concentraciones de lípidos en una cohorte de la población general de la ciudad de Antofagasta. Fueron evaluados 85 individuos adultos de ambos sexos. El ADN genómico fue extraído de leucocitos de sangre periférica mediante método de precipitación salina. La genotipificación del polimorfismo rs693 C>T del gen APOB fue realizada mediante la técnica de PCR-RFLP. El perfil lipídico fue determinado mediante exámenes bioquímicos convencionales. La distribución genotípica para el polimorfismo rs693 del gen APOB fue CC= 54%, CT= 45% y TT= 1%. La frecuencia del alelo mutado T fue 0.24. Los resultados muestran que la variante genética no afecta los parámetros del perfil lipídico en los sujetos estudiados. El analisis de los datos, denotan que existe una tendencia marcada sobre el alelo no mutado, sin embargo, se requiere aumentar el tamaño muestral y realizar un estudio de casos-controles para determinar el potencial impacto de esta variante genética en nuestra población.

135) IDENTIFICACIÓN DE UNA LIBRERÍA DE PÉPTIDOS DE ALTA AFINIDAD POR CÉLULAS PRESENTADORAS DE ANTÍGENOS EN SALMÓNIDOS.

Faundez A[1], Spencer E[1], Maisey K[1], **Garces A**[1], [1]Centro de Biotecnologia Acuicola, Facultad de Quimica y Biologia, Universidad de Santiago de Chile.

Introducción: La industria acuícola se enfrenta frecuentemente a enfermedades causadas por patógenos virales y bacterianos, con un importante impacto económico sobre el mercado nacional. Los métodos de vacunación actuales exhiben incrementos moderados en la protección, debido principalmente a la pobre estimulación de su sistema de inmunidad adaptativo. Objetivo: Este trabajo propone la búsqueda de péptidos que muestren alta afinidad hacia células presentadoras de antígeno (APC) derivadas de salmónidos, de manera que al fusionarlos con el antígeno de interés, se conduzca e intensifique la interacción entre el antígeno modificado y las APC, induciendo una respuesta inmune protectora. Resultados: Mediante inmunofluorescencia se caracterizó el fenotipo celular de las líneas RTS-11 (tipo macrófago) y RTG-2 (tipo fibroblasto) derivadas de trucha y, las líneas SHK-1 y ASK derivadas de salmón (tipo epiteliales) y se implementó la tecnología de *phage display* para la identificación de péptidos (12 mer) de alta afinidad en cada línea celular. Los péptidos seleccionados fueron sintetizados y conjugados a fluoróforos, para la realización de ensayos de afinidad en placas de unión covalente e inmunodetección por microscopía de fluorescencia. Proyecciones: La identificación de estos péptidos y la posterior medición de inducción de expresión de marcadores moleculares, permitirán el desarrollo de una plataforma que conseguiría la activación del sistema inmune adaptativo en peces que es independiente del tipo de patógeno y del sistema de administración que se elija.

Agradecimientos: PAI 82140050 y Centro Biotecnología Acuícola, USACH

ÍNDICE

A

Aldrete E 18
A. Vianna J 94
Abello L 220
Acosta-Bravo I 178
Acosta-Jamett G 187
Aguilera N 102
Alarcón D 64, 141
Alcaman M E 49
Alcayaga J 72, 159
Alcayaga-Olivares Y 80
Alcorta J 49
Alfaro F D 63
Aliaga V 68
Álvarez A 98
Alvarez E 93
Alvial I 56
Andrade D 67
Andrade D C 68, 69
Aranda M C 121
Araya C 184, 193
Araya E 58
Araya-Donoso R 172
Arce A 67, 69
Arce D 169
Arce-Alvarez A 68
Arias P 71
Arispe V 224
Armesto J J 63
Arndt M 167
Arroyo M T 52
Arroyo M T K 218
Astorga M 185
Atala C 13, 144, 147, 207
Avaria-Llautereo J 43
Avendaño-Herrera R 21
Avendaño-Herrera R 22

B

Baeza C 217
Barbosa A 94
Barra B 47
Barría-Díaz C 179
Barros D 40
Barros Vásquez D 38
Belmonte M 204
Belmonte, S. E 82
Beltrametti F 48
Benitez-Mora A 136
Bernal-Sore I 101
Bertin A 93
Bethke, J J 22
Blanco F 106
Bonacic C 187
Bonadonna F 179
Boric-Bargetto D 127, 128, 194
Bórquez J 182
Botero-Delgadillo E E 74
Botto-Mahan C 117, 138
Brante A 182
Bravo L A 36
Brito M J 120
Bruna Y 194
Bull-Hereñu K 83, 167, 221
Bunuot D 100
Bustamante R 116
Bustos D 224

C

Cabanne G 178
Cabello J 187
Cabezas J L 52
Cadenillas R 53
Cámara B 48
Campos R 191
Campos Soto R 103
Camus P A 120
Canales J 98
Cancino R A 127
Canifrú R 141
Canto N 98
Caporaso G 47
Carcamo J 21
Carcamo J G 21
Cardenas L 169, 181, 185, 196
Cares R 138
Carlos C 20
Carrasco-Oliva G 59
Carrasco-Puga G 60, 65, 123
Carrasco-Puga G 65
Carrasco-Urra F 110
Carreño P 170
Cartes C 73
Carú M 119, 121, 122, 124
Carvajal M 145
Carvallo G 62
Carvallo G O 156, 220
Castillo V 66, 163
Castro L 114

Castro S A 62
Castro-Nallar E 42
Cavieres L 36, 64, 61, 107, 109, 123
Cea L 18
Celis-Diez J L 55
Cerda O 98
Cianferoni F 195
Cid H 40, 147
Cifuentes Bustamante A 135
Cisterna B 19
Claßen-Bockhoff R 83, 167, 222
Claverías F 48
Collado G 113, 115, 134, 189, 200
Contreras S 116
Convey P 177
Cordero S 156
Cordero S 220
Cornejo M 50
Coronado T 81, 131, 133
Correa C 81, 131
Correa-Quezada C 77
Cortés N 18
Cruz J 194
Cruz-Jofré F 130, 184, 193
Cuellar M 12
Cumsille A 48

D

D´Elía G 53, 96
Dantas G 94
Dassonvalle J 160, 164
De La Maza M P 100, 102
Del Rio R 31, 68, 71
Delgado M 119
Denise H 20
Diana C 20
Dias H 68
Díaz A 37
Díaz A 90
Díaz F 163
Díaz F P 60, 65, 123
Diaz G 191
Díaz H 205
Díaz H 67, 69
Díaz Marínez C 89
Diaz S 149, 213
Diazgranados M 28
Dibán M J 46, 206
Díez B 42, 49
Donoso C 101, 102
Dorador C 50
Dorta F 85, 155
Dos Santos P 83
Doussang D 190
Duclos M 79
Durán F 131

E

Egas C 211
Eissler Y 50
Elías G 27
Enríquez R 171
Errázuriz I 154
Escamilla R 19
Escandón A B 105
Escobar J 224
Escobar M 170
Escobedo V M 80
Espíndola-Hernandez P 74
Espinoza C 98
Espinoza M 93
Esquivel C 56
Estay S 146

F

Fabres A 189, 200
Farías M B 160
Faundez A 225
Faúndez V 154
Fernández C 50
Fernández Garcés P 165
Fernández P 99
Fernández V 194
Fernández P 18
Fernando L 20
Fibla P 125, 193
Figueroa J 20, 171
Finot V 215
Flores K 196
Fuentes C 100, 162
Fuentes G 199
Fuentes S 47

G

Gallardo C 189
Gallardo J 205
Gallardo M 180
Gallardo-Escárate C 175, 176
Gálvez A 224
Galvez F 220
Galvez M J 50

Gantz A 111
Garces A 225
García J 122
García L 147
García N 210
Garcia V 168
Garcia P 18
Garrido T 173
Gaxiola A 46
Gérard K 37
Gianoli E 80
Ginocchio R 108
Glade N 86
Gómez-Saavedra V 95, 170
Goncalves E 148
González B 197
González C 196
González M 115, 140, 209
González Teuber M 212
González V 48
González-Acuña D 94, 127, 178, 187, 190
González-Saldías F 114
González-Stegmaier R 171
González-Teuber M 97
González-Wevar C A 37, 186
Gouin N 93
Graterol J 168
Greene K 190
Guajardo S 49
Guajardo-Cabello F 95
Guajardo-Leiva S 42
Guerrero J 79
Guerrero P C 59, 150, 152, 218
Guevara Araya M J 212
Guevara M J 140, 209
Guillemin M 188
Gutiérrez Gallegos S 165
Gutiérrez R 60, 123
Gutiérrez R A 65
Gutiérrez S 99

H

Haye P A 175, 176
Hengst M 50
Henzi C 224
Hereme R 93
Hernadez-Fuentes C 107
Hernández C 109
Hernández C E 43, 44, 127, 129
Hernández J 211
Hernández K 50
Hernández S F 21
Herrera I 148
Hinojosa L F 46, 86, 87, 149, 193, 206, 208, 213, 214
Hirsch S 100, 162
Huamani L 198
Huanca W 204
Huanel O 188
Hüne M 37, 186

I

Ibáñez C 45, 92
Ibáñez C M 120, 183
Inostroza-Michael O 43
Irarrázabal D 170
Irgang, R R 22
Iturriaga R 30, 68, 71
Iwamoto A 83

J

Jara-Hermosilla D 39
Jerez E 70
Jerominek M 167
Julio-Kalajzic B 187

K

Karahanian E 70
Kausel G 171
Kraft S 186

L

Labra A 132
Lafertte N 224
Lamborot M 172
Landaeta M 35
Lara S 144, 207
Larraín J 210
Latorre C 60, 65, 123
Lazo-Cancino D 129
Leite El Ottra J H 83
Leiva A 41
Leiva D 122, 124
León C A 41, 136
Letelier L 41
Llanos M 66, 163
Londoño L 87
Lopez A 168
López D 73
López Peñaloza L 89
López Sepúlveda P 199

López Z 196
López-Solís R 73
Lowther A 94
Lucero C 67, 68, 69

M

Madrid A 85
Mahn A 166
Maisey K 225
Manríquez H 202
Manríquez R 21
Manríquez-Soto G 55
Mansilla A 90
Mardones P 84
Mardones S 216
Marín J C 197
Marticorena A 141, 143, 210
Maturana C S 177
Mc Cabe A 168
Medel R 9, 138
Medina P 201
Meier C I 112
Mejias E 173
Méndez M
Méndez M A 92, 125, 130, 189, 192, 184, 193, 200
Michael S 85
Michea C 88
Mihoc M 61
Millán C 139
Miranda N 50
Miya T 186
Molina V 50
Monras M 171
Monsalves-Alvarez M 66, 161
Montenegro I 85, 155
Montesinos-Tubée D 26
Montoya H 199
Moore E R 48
Mora M 81
Moraga A 84
Morales P 130
Morales V 143
Morán, F F 22
Moreira-Muñoz A 27, 28, 143, 202
Moya E 71
Moya Y 95
Moya-Hernández M 78
Muñoz A 39
Muñoz D 70
Muñoz I 113
Muñoz J 208
Muñoz L 147
Muñoz Rodriguez A 38
Muñoz-Ramírez C 54
Muñoz-Rojas A 39
Muñoz-Schick M 143
Muñoz-Tapia L 144, 207
Mura-Jornet I 94
Murúa M 106, 223

N

Naretto J 37, 186
Naulin P I 142, 146, 205, 211
Navarro-Marquez M 101
Neglia V 185
Neila-Pivet M 136
Nespolo R 78
Noll D 174
Noni-Morales D 40
Norambuena H V 54

O

Oliva C 175
Opazo J C 198
Orellana A 106
Orellana Medina J I 203
Orlando J 119, 121, 122, 124
Orrego F 108
Ortiz I L 72
Ortiz J 107, 109, 133
Ortiz J C 128, 131
Ortiz S 103, 168
Ortiz-Calderón C 38, 39, 40
Ortiz-Zapata J C 77
Osorio M 145, 180
Ossa P 106
Otálora K 193
Oyarce M P 71
Oyarzún N 58
Oyarzun M 18

P

Pablo F 192
Palfner G 11
Palma R 194
Palma R E 55, 127
Pardo-Gandarillas M C 92, 135, 183
Pasten F 202
Pastenes L 193
Patricia V 181
Pauchard A 61

Pavez E 79
Peña C M 150
Peña F 116
Peña-Hernández C 218
Peñailillo P 84, 154, 199
Pereira G 13, 144, 147, 207
Pereira I 84, 154
Perez C 63
Pérez C 73
Perez E 171
Pérez F 223
Pérez M F 46, 52
Pérez-Orellana D C 153, 219
Pino G N 159
Pino Riveros P 151
Pliscoff P 25, 58
Poblete Y 74
Poblete Y 74
Poblete-Morales, M 22
Porras O 101
Poulin E 37, 90, 176, 177, 179, 186, 195
Préndez M 211

Q

Quezada, J 22
Quijada P 158
Quilhot W 12
Quilodrán M 78
Quintana G 194
Quintanilla M E 70
Quiñones N 12
Quirici V 79
Quiroga N 117

R

Rabert C 36
Ramírez C 78
Ramirez H 224
Ramírez I 85, 155
Ramírez Verdugo P 137
Ramirez-Cáceres G E 78, 154
Ramos B 174
Rau J R 111
Recabarren P 163
Renderos L 119
Reyes, C. M A 82
Ríos R S 80
Riquelme Valdes F 216
Rivas F 99
Rivas J 98
Rivas Valdés F 165
Rivera Meza M 70
Rivera R 44, 197
Rives N 103, 191
Rodríguez A 95
Rodríguez E 128, 194
Rodríguez J M 66, 100, 101, 102, 160, 161, 162, 163, 164
Rodríguez-Serrano E 43, 127, 129
Rojas C 224
Rojas F 149
Rojas G 201
Rojas Thumm C 184
Rojas V 132
Rojas, V. G 82
Rojo G 168
Román J 166
Romero A 23, 171
Romero C 50, 147
Romero K 197
Ronse De Craene L 83
Rosas M R 152
Rubio C 12, 170
Ruiz De Gamboa M 77
Ruiz E 150
Ruiz-Lozano A 217
Ruiz-Ponce E 217

S

Sabando Gómez M 88
Sade S 111
Sáez P 36, 192, 193, 200
Sáez J 18, 19
Sáez-Cordovez C 138
Salas M 148
Salazar L 224
Saldaña A 105, 110
Saldivia P 126
Salinas D 180
Salinas-Toro D 73
Sallaberry M 193
Sallaberry-Pincheira N 187
Sandoval C 154
Sandoval-Rodríguez A 117
Sanhueza A 109
Sanhueza V 92
Santos D 141
Saucéde T 186
Scherson R 24, 126
Schmid-Hempel P 195
Schnake Mamut N 165
Schnake N 99
Seeger M 47, 48, 118, 145, 155
Segovia N 175, 176

Sepúlveda C 66, 161
Sepúlveda G 204
Sepúlveda-Quiñenao C 66, 100, 102, 160, 161, 162, 163, 164
Sepúlveda-Valenzuela G A 15, 153, 219
Sierra-Almeida A 36
Silva I 98
Solari A 103, 168
Soto D C 65
Spencer E 225
Stuessy T 199
Suárez C 115
Sudel G 74

T

Takayama K 199
Tamburrino Í 218
Tapia, D 22
Thielemann E 141
Toledo C 67, 68, 69
Toledo H 98
Toni J F 83
Toro M 106
Toro-Nuñez O 217
Torres F 92, 183, 191
Torres-Fuentes G 190
Torres-Pérez F 81, 103, 128, 133, 194
Traipe F 73
Traipe-Castro L 73
Troncoso R 66, 100, 101, 102, 160, 161, 162, 163, 164

U

Ugalde J 48
Undabarrena A 48
Urbina-Casanova R 24, 126
Uribe F 98
Urzúa J 84

V

Valderrama A 41, 136
Valdés J L 132
Valdivia I 169, 181
Valdivia Prats C E 203
Valencia G 61
Valenzuela C 91
Valenzuela G 142, 146, 205
Valladares M 189, 200
Valladares-Gómez A 55
Van B 18
Van Els P 54
Van Zundert B 18
Varas V 197
Vargas Castillo R 14, 88, 89, 216
Vargas H 56
Vargas J 185
Vargas A 19
Vargas-Castillo R 75, 76, 151
Vásquez D 81, 131
Vásquez J P 197
Vásquez R 74
Vega-Celedon P 118
Velásquez N A 132
Véliz D 56, 172
Vera T 21
Vergara A 145
Vianna J 174, 178, 179, 187, 190
Victoriano P 54, 96
Vidal M 128, 133, 172
Vila I 56, 112, 130, 184
Villagrán C 87
Villalobos N 215
Villaseñor R 137

W

Walter H E 218
Wandersleben K 214
Weideman C 93
Weinstein-Oppenheimer C 95, 170
Will M 222

Y

Yañez F 168
Yañez M 111
Yáñez-Meza A 117

Z

Zamorano D 112
Zorondo-Rodríguez F 59
Zúñiga A 119
Zúñiga C 124
Zúñiga-Feest A 119
Zúñiga-Reinoso Á 125, 127, 192

SOCIEDAD DE BIOLOGIA DE CHILE
desde 1928

SOCEVOL
Sociedad Chilena de Evolución

SOCIEDAD DE BOTÁNICA DE CHILE

CONICYT
Comisión Nacional de Investigac
Científica y Tecnológica

FUNDACIÓN CHILENA PARA BIOLOGÍA CELULAR

PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CHILE

FACULTAD DE CIENCIAS
UNIVERSIDAD DE CHILE

ición

4ID