

CONFERENCIAS

A circular logo with the letters 'BR' inside, positioned in the lower right quadrant of the page. The logo is semi-transparent and has a slight shadow effect. The background of the entire page is a light gray with a complex, organic, and textured pattern that resembles a microscopic view of a material or a dense network of fibers.

CONFERENCIA INAUGURAL

ESTRUCTURA, ENSAMBLAJE Y FUNCIÓN DE LAS PROTEÍNAS DEL SISTEMA DE SECRECIÓN BACTERIANA TIPO III (Structure, assembly and function of proteins from type III bacterial secretion system) **Galán J.E.** Section of Microbial Pathogenesis, Yale University School of Medicine, New Haven, CT 06536, U.S.A.

Los sistemas de secreción de proteínas tipo III son esenciales para la patogenicidad o la asociación simbiótica de numerosas bacterias. La función de estas nanomáquinas es la secreción e inyección de proteínas bacterianas a la célula hospedadora. Este sistema de secreción está compuesto por un organelo localizado en la membrana bacteriana denominada complejo aguja ("needle complex"). Este organelo está compuesto por una base anclada a la membrana celular a través de 4 anillos, un cilindro central ("inner rod"), y una extensión o "aguja" que se proyecta hacia el exterior de la bacteria. Toda el organelo está atravesado por un canal central de unos 28 Å de diámetro. El ensamblaje del "complejo aguja" ocurre a través de una serie de pasos definidos cuidadosamente orquestados. En primer término se ensambla la base del "complejo aguja", la cual comienza a funcionar como un aparato de secreción exclusivamente destinado a la secreción de las proteínas necesarias para formar el "cilindro central" y la "aguja", los cuales se ensamblan separadamente. La terminación del ensamblado del cilindro central causa un cambio conformacional en la cara citoplásmica de la base del "complejo aguja" de modo que la especificidad del aparato de secreción cambia drásticamente, y tanto las proteínas que forma la aguja como el cilindro central ya no son reconocidas. Por lo tanto, el largo de la aguja está determinado por la velocidad de ensamblaje del cilindro central. El aparato de secreción es consecuentemente reprogramado para reconocer las proteínas destinadas a ser inyectadas dentro de la célula huésped.

Las proteínas destinadas a ser secretadas por este sistema poseen señales específicas en su amino terminal que las guían por el camino de secreción. El proceso de secreción está ayudado por chaperonas específicas que escoltan a las proteínas efectoras hasta el aparato de secreción. Estas chaperonas mantienen un dominio de las proteínas a secretar en forma desplegada. No obstante, los dominios de las proteínas a secretar no cubiertos por las chaperonas se mantienen plegados, por lo que deben ser desplegados antes de poder ser secretados a través del canal central del aparato de secreción. La disociación de la proteína a secretar de su chaperona como así también el desplegado previo a su secreción están mediados por una ATPasa localizada periféricamente en la base del "complejo aguja". Finalmente las proteínas son "inyectadas" en la célula huésped a través de un poro formado en la membrana plasmática de la célula.

CONFERENCIA PREMIO BIOS-CHILE-SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE

MECANISMOS MOLECULARES QUE CONTROLAN EL EQUILIBRIO ENTRE INMUNIDAD Y AUTOINMUNIDAD. **Kalergis A. M.** Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

La sinapsis inmunológica entre el linfocito T y la célula dendrítica (DC) es fundamental tanto para la iniciación de la respuesta inmune contra patógenos (sinapsis activadora), como para evitar el ataque autoinmune contra componentes propios del hospedero (sinapsis inhibidora). Es así como mientras alteraciones en la sinapsis activadora aumentan la susceptibilidad a infecciones, deficiencias en la sinapsis inhibidora pueden causar respuestas autoinmunes. Para una función regulada de la sinapsis, la DC debe presentar coordinadamente dos tipos de señales moleculares al linfocito T. La señal 1 es el antígeno o complejo péptido-MHC (pMHC) que funciona como ligando específico para el receptor del linfocito T (TCR). De acuerdo a nuestros resultados la vida media de la interacción TCR:pMHC modula la activación del linfocito T (1). También lo hace la cantidad de señal 1, la que aumenta cuando la DC captura antígenos vía receptores específicos, como los receptores Fc (2). Por otro lado, la señal 2 corresponde a moléculas co-estimuladoras, cuya expresión en la DC hemos logrado aumentar mediante la señalización vía receptores Fc activadores, lo que potencia la activación del linfocito T (2,3). Estas observaciones las hemos aplicado para potenciar la respuesta inmune anti-bacteriana (2). Sin embargo, experimentos realizados en el laboratorio indican que un aumento excesivo de la expresión de la señal 1 y 2 por la DC a nivel de la sinapsis causa autoinmunidad (4). Por lo tanto, nos interesa identificar estrategias moleculares para favorecer la formación de sinapsis reguladas conducentes a respuestas inmunes eficientes contra patógenos y prevenir la autoinmunidad (5). FONDECYT 1030557 y 1050979. Núcleo Milenio en Inmunología e Inmunoterapia.

1. PA González, LJ Carreño, D. Coombs, JE Mora, E. Palmieri, B Goldstein, SG Nathenson and AM Kalergis. TCR binding kinetics required for T cell activation depend on the density of cognate ligand on the APC. *Proc Natl Acad Sci U S A.*, 2005, 102: 4824. 2. JA. 2. Tobar, PA. González and A.M. Kalergis. Salmonella escape from antigen presentation can be overcome by targeting bacteria to Fcγ Receptors on dendritic cells. *J. Immuno.*, 2004, 173: 4058. 3. SM Bueno, MI Iruretagoyena, JA Tobar, AM Kalergis Molecular Interactions Between Dendritic Cells and Salmonella: Escape From Adaptive Immunity and Implications on Pathogenesis. (*Critical Reviews in Immunology*, 2005, in press). 4. MI Iruretagoyena, M Wiesendanger and AM Kalergis. The Dendritic cell-T cell synapse as a determinant of autoimmune pathogenesis. *Curr. Pharm. Des.*; 2005, in press. 5. MI Iruretagoyena, JA. Tobar, PA. González, SE. Sepúlveda, CA. Figueroa, RA. Burgos, JL. Hancke and AM. Kalergis. Andrographolide interferes with T cell activation and reduces Experimental Autoimmune Encephalomyelitis in the Mouse. *J. Pharm. Exp. The.* 2005, 312:366.

REGULACIÓN DEL METABOLISMO DEL NITRÓGENO Y BIODEGRADACIÓN DE CONTAMINANTES NITROGENADOS (Regulation of Nitrogen Metabolism and Biodegradation of Nitrogenated Contaminants). **Santero, E.**, García-González, V., Porrúa, O., Veguillas, A., Canosa, I. & Govantes, F. Centro Andaluz de Biología del Desarrollo, Área de Microbiología, Universidad Pablo de Olavide, Sevilla, España.

La biodegradación de contaminantes orgánicos puede estar sujeta a una regulación específica, que vincula la expresión de los genes de degradación a la presencia del contaminante en el medio, y a una regulación general, por la cual la expresión génica se suprime a la ausencia de otros sustratos preferentes. La eliminación del herbicida nitrogenado atrazina por *Pseudomonas* sp. estirpe ADP solo se produce en condiciones de limitación de nitrógeno, lo que puede mermar la eficacia de biorremediación de suelos agrícolas con herbicidas *s*-triazínicos ya que estos suelos se abonan con compuestos nitrogenados.

La expresión del operón *atzDEF* se induce en presencia de ácido cianúrico cuando la bacteria está limitada por nitrógeno. Hemos identificado un gen regulador, *atzR*, esencial para expresar el operón. La transcripción de este gen está regulada por nitrógeno y requiere el factor sigma-54 y el regulador global del metabolismo del nitrógeno NtrC, conocido en otras bacterias. La transcripción de *atzDEF* activada por *AtzR* está a su vez regulada por nitrógeno y requiere NtrC, de forma que la regulación general por nitrógeno parece controlar la síntesis del activador específico *AtzR* y también su función activadora. Se presentará un modelo integrado de regulación con todos los datos disponibles.

CONFERENCIA DR. HERMAN NIEMEYER

PRIONES Y LA NUEVA BIOLOGÍA DE PROTEÍNAS (Prions and the New Biology of Proteins). **Soto C.** Director Mitchell Center for Research in Neurodegenerative diseases, University of Texas Medical Branch, Galveston, Texas, USA.

Los llamados *priones* son agentes infecciosos asociados a las encefalopatías espongiformes transmisibles, un grupo de enfermedades neurodegenerativas que afectan a seres humanos y animales. Pese a la baja incidencia de estas patologías, la aparición de una nueva enfermedad en humanos procedente de la ingestión de carne de vaca contaminada con encefalopatía espongiforme bovina, ha despertado un enorme interés público por estas enfermedades. Desde el punto de vista científico, el concepto del prion ha revolucionado la biología, debido a la vasta evidencia científica que indica que el agente infeccioso está compuesto exclusivamente por una proteína, la cual posee la capacidad sin precedentes de propagarse en ausencia de material genético. Además la proteína infecciosa (denotada PrP^{Sc}) es idéntica en secuencia a una proteína normal abundante en el cerebro, conocida como PrP^C. Durante el desarrollo de la enfermedad, PrP^{Sc} es capaz de convertir a la proteína normal, PrP^C, en la forma patológica. Este proceso involucra la agregación de proteínas en estructuras fibrilares de hoja beta-plegada, similares a aquellas encontradas en los depósitos de amiloide asociados a enfermedades como el mal de Alzheimer, la enfermedad de Parkinson y diabetes de tipo II, entre otras. En nuestro laboratorio hemos logrado imitar el proceso de replicación de priones *in vitro*, lo que nos ha permitido incrementar dramáticamente el conocimiento de los mecanismos moleculares responsables de estas enfermedades, la naturaleza del agente infeccioso y el diseño de nuevas estrategias terapéuticas y de diagnóstico.

POR LA SENDA DE DARWIN: REFLEXIONES SOBRE LA RELACIÓN ENTRE CIENCIA, ECOLOGÍA Y SOCIEDAD (On Darwin's trail: Reflections about the relation among science, ecology and society). **Armesto, Juan J.** CASEB, P. Universidad Católica, MCEB, Universidad de Chile, Fundación Senda Darwin.

La ciencia es un actor fundamental de la sociedad del siglo XXI. Los científicos desarrollan su trabajo en un contexto académico que está permeado por las doctrinas y modelos económicos, políticos y religiosos de cada época. Este contexto social moldea, limita y motiva nuestra visión del mundo natural, el carácter de nuestras teorías y nuestra relación con la comunidad. La teoría de evolución de Darwin se desarrolló en forma disidente al modelo social y político de mediados del siglo XIX y sus consecuencias culturales y antropológicas son aún motivo de fuerte debate en círculos académicos, educacionales y religiosos. Gran parte de los problemas ambientales que enfrentamos como sociedad en el siglo XXI derivan de nuestra limitada asimilación del significado multi-disciplinario de la evolución, incluso en ámbitos académicos, escasa comprensión de nuestros vínculos con el mundo natural y casi nula integración de la evolución biológica y la ecología en la educación de los ciudadanos. En esta presentación propongo la necesidad de desmitificación de la ciencia, incluyendo su difusión en el más amplio y diverso contexto cultural, a través de una variedad de mecanismos, y la relativización del lugar jerárquico de los científicos en la sociedad, de modo de generar un diálogo constructivo con exponentes de otras disciplinas y visiones.

DIVERSIDAD FISIOLÓGICA EN LA ENERGÉTICA ANIMAL: IMPLICANCIAS ECOLÓGICAS Y EVOLUTIVAS. **Bozinovic F.,** CASEB y Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile

La biodiversidad se define como el rango total de variación en y entre organismos y los ambientes que los contienen, desde hábitats locales a los paisajes y la biósfera, incluyendo todos los niveles jerárquicos de organización biológica, desde los ecosistemas a los individuos y sus genomas. A nivel organizacional el área de la biodiversidad funcional se orienta al estudio de la identidad de las especies constituyentes de tipo de comunidades y ecosistemas dentro de una región y su variación fenotípica, genética y molecular dentro y entre poblaciones. En esta conferencia se intentará entender y explicar la diversidad fisiológica desde las moléculas a los organismos. Este objetivo concierne al origen de la diversidad fisiológica, las restricciones sobre ella y sus consecuencias ecológicas y evolutivas.

Pretendo identificar y explicar los factores selectivos que generan diversidad en y entre especies. Esto como uno de los objetivos centrales de la fisiología ecológica y evolutiva. Con aproximaciones evolutivas y ecológicas, discutiré los fenómenos que incluyen, contraste entre especies, diferencias poblacionales, plasticidad fisiológica y su potencial microevolutivo y analizaré las consecuencias de estos procesos frente al fenómeno de calentamiento global. Finalmente postulo que es una tarea para los fisiólogos aumentar el conocimiento de la función biológica, del valor adaptativo de las diversas funciones a los ambientes particulares y a los diferentes modos de vida de los organismos. La fisiología debiese reconocer la diversidad de los sistemas vivos además de intentar generalizaciones basadas en la selección de tipos convenientes y limitados de organismos.

Financiado por FONDAP 1501-0001 (programa 1)

EVOLUCIÓN DE *VIBRIO PARAHAEMOLYTICUS* Y LA IRRUPCIÓN DE BROTES EPIDÉMICOS EN CHILE. Espejo R. T., INTA, Universidad de Chile. respejo@inta.cl

En los últimos años han ocurrido en Chile importantes brotes de diarrea por *Vibrio parahaemolyticus* asociados a mariscos, a los cuales no estábamos acostumbrados. El primero ocurrió en 1998 en Antofagasta con más de 300 casos clínicos y los siguientes, en Puerto Montt, con 1600 y 3600 casos el 2004 y 2005, respectivamente. En esta presentación se analiza la evolución de las cepas clasificadas como *V. parahaemolyticus* y como se generan variantes con nuevas propiedades, capaces de irrumpir en nuevas locaciones generando brotes de diarrea. Posteriormente se presentan los resultados obtenidos del análisis de las cepas encontradas en Chile, tanto en casos clínicos como en mariscos. Finalmente, utilizando estos resultados se discute el origen de los brotes, la influencia de variable ambientales, los pronósticos para los próximos años y los estudios y acciones que podrían ayudar a disminuirlos o a paliar sus efectos, tanto en la salud humana como en el comercio de productos del mar.

La forma de reproducción por división binaria de las bacterias hace que las cepas sean clones. Entre las bacterias de un mismo clon se genera diversidad por cambios menores y continuos (mutaciones puntuales) o mayores y bruscos (recombinación). Los descendientes de una bacteria que haya sufrido recombinación pertenecen a un nuevo clon. La vida de *V. parahaemolyticus* en el mar, con menos barreras para el intercambio de genes con otras cepas de la misma o diferente especie, hace que su evolución esté fuertemente influenciada por la adquisición de nuevos genes desde otras cepas. Así parece haber surgido la cepa responsable de los brotes en Chile. Los brotes en Chile fueron causados por *V. parahaemolyticus* perteneciente al clon del serovar O3:K6 surgido en el Sudeste asiático alrededor de 1996. A pesar que este clon habría llegado a Chile un poco antes de 1998 ya se ha detectado variantes que parecen haber surgido durante su propagación en el mar chileno. Este clon constituye actualmente solo una pequeña fracción del total de clones de *V. parahaemolyticus* en los mariscos pero aun así es el responsable de más del 90% de los casos de diarrea.

SIMPOSIOS

A circular logo with the letters 'BR' inside, positioned in the lower right quadrant of the page. The logo is semi-transparent and has a slight shadow, giving it a 3D appearance. The letters are bold and stylized.

SIMPOSIO SOCIEDAD DE ECOLOGÍA

EL ROL DE LOS ECÓLOGOS EN LA GESTIÓN AMBIENTAL A RAÍZ DEL CASO RÍO CRUCES

Coordinador: Luis Contreras

EL ROL DE ECÓLOGOS EN GESTIÓN AMBIENTAL
(Ecologists' role on environmental management).
Contreras, L. Forestal Savia. ftdc.lcc@entelchile.net.

La SOCECOL, y su antecesora Sección de Ecología de la Soc Biol, fueron conformadas por personas de un ámbito científico-académico. Un dicho frecuente que refleja el espíritu de ellos, y de sus tiempos, era “el cultivo de la ciencia por la ciencia”. Como reflejo de los cambios los estatutos de la SOCECOL de 1994 incluyen “toda otra iniciativa tendiente al máximo aprovechamiento de esta rama de la Ciencia en beneficio de la colectividad”. Pues bien, al parecer el cambio de intereses de un ámbito científico-académico al de la gestión ambiental no ha estado exento de problemas para los ecólogos. A mi juicio, porque han tratado de tener un rol en este nuevo ámbito arrastrando consigo los intereses, paradigmas y prácticas propias de la ciencia-academia a un mundo en que ellos son distintos. Este simposio tiene por propósito presentar las percepciones que tienen distintos actores del rol que han tenido y pueden tener los ecólogos en la gestión ambiental. Ergo, el objeto de análisis o estudio en esta oportunidad somos nosotros mismos. No lo es la autoridad ambiental, la empresa o tal o cual universidad. Para ello he invitado a miembros de la autoridad ambiental, de la empresa, de universidades y de centros de ecología aplicada a que nos expongan y a discutir como ellos han visto nuestro rol y desempeño y, más importantemente, como visualizan que puede serlo en el futuro.

LA INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA EN EL MARCO DE GESTIÓN AMBIENTAL DE LAS EMPRESAS.
Contreras, M. Centro de Ecología Aplicada Ltda. Depto. Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Las empresas requieren implementar medidas destinadas a conciliar la explotación de los recursos naturales con su conservación, aun cuando constituyen un requerimiento, son la base de la sustentabilidad de los proyectos. Recursos económicos y un reducido cuestionamiento de los procedimientos científicos utilizados para abordar las diferentes temáticas ambientales, son la tónica dentro de la gestión ambiental de las empresas, sin embargo, los resultados deben ser capaces de lograr soluciones efectivas. Los ecólogos hemos pretendido transferir la investigación que se realiza al interior de las universidades hacia las empresas, donde la motivación es un atributo incuestionable del científico, limitando su responsabilidad a responder aquellas preguntas que surgen desde su visión particular. ¿Cómo podemos colaborar con la conservación de los recursos naturales, sin hacernos cargo de los temas ambientales en toda su dimensión? Para definir la temática ambiental es necesario comprender la interacción que se genera entre la naturaleza de los recursos naturales y los procesos asociados a la explotación de los mismos. En la práctica existe una capacidad limitada de transferir los resultados de la investigación a las empresas. La escasa comunicación es entendida como una manera de mantener la independencia con los intereses de las empresas. La función de los ecólogos es entender adecuadamente la naturaleza, para permitir alternativas al manejo de los recursos naturales, sobre la base de resultados científicos robustos.

EMPRESA Y UNIVERSIDAD: CRITERIOS PARA UNA INTERACCIÓN DE BENEFICIO MUTUO (Enterprise and university: Criteria for an interaction of mutual benefit) Correa, J., **Jaksic, F.**, Vicuña, R. Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Una interacción más sustantiva empresa-universidad ha sido invocada por autoridades gubernamentales y universidades como parte de la solución al déficit en inversión científica en Chile. Sin embargo, esta vinculación despierta recelos cuando ocurre. Durante la ejecución de asesoría científica a una empresa, nuestra universidad ha recibido tres tipos de reparos por parte de científicos y legos: (1) Que no debemos criticar a otros colegas sin tener datos propios. (2) Que nuestra investigación, al ser pagada por la empresa, no tendría independencia. (3) Que hay conflicto de intereses, porque la empresa es benefactora de nuestra universidad (Fundación COPEC-UC). Nuestra opinión es que: (1) La primera afirmación es absurda: Si la obtención de datos propios fuera requisito para poder opinar sobre la pertinencia, validez o rigurosidad de planteamientos o conclusiones emitidas por pares, se detendría todo proceso de evaluación de proyectos, programas, promociones, tesis y publicaciones. (2) Las afirmaciones de pérdida de independencia son irresponsables: Denunciar no cuesta nada, demostrar es lo difícil. (3) A nuestro parecer, el tema más relevante es el conflicto de intereses: Deberían existir lineamientos institucionales claros antes de imponer la autocensura como código de conducta. Si las empresas van a incrementar su financiamiento de la investigación científica, las universidades debieran estar preparadas para evaluar dichos vínculos sobre una base pragmática y ética.

PERCEPCIÓN DE EMPRESAS ARAUCO SOBRE EL ROL DE ECÓLOGOS EN LA GESTIÓN AMBIENTAL (Arauco Companies Perception on Ecologists Role on Environmental Management). **Camaño, A.** Empresas Arauco.

Las recientes situaciones ambientales, sociales y políticas en las cuales han estado involucradas las Empresas Arauco han evidenciado logros y fracasos. Estos últimos han constituido lecciones importantes que han cambiado profundamente nuestra percepción en cuanto a la relevancia de estos temas y sus formas de gestión. Entre ellos se encuentra: la necesidad de fortalecer el rol de la institucionalidad ambiental, de atender las situaciones a nivel de regiones, de legitimar las soluciones técnicas con las comunidades, de fijar tanto niveles como procedimientos para los seguimientos ambientales, de acrecentar la apropiación de la actividad forestal por la sociedad, etc. En este contexto los ecólogos, generalmente vinculados a universidades, pueden tener un rol importante en promover el logro de acuerdos entre las partes, más que en generar divisiones paralizantes. Como ecólogos pueden aportar de manera relevante a los tomadores de decisiones, sea la administración pública o empresas públicas o privadas. Como académicos universitarios pueden cumplir un rol crecientemente demandado por la sociedad en cuanto a promover el traspaso del conocimiento y la innovación para promover el desarrollo económico, social y ambiental del país. Hasta el momento estas demandas parecen no haber sido satisfechas y en este contexto los ecólogos no parecen tener un desempeño distintivo. En todo caso, los ecólogos/académicos deben mantener claridad respecto de su propio rol como también el de las otras partes involucradas.

LA INFORMACIÓN E INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA EN LAS DECISIONES AMBIENTALES. (Scientific research and information in environmental decision making).

Arteaga, R. Dir. Ejec. CONAMA. Chile.

No siempre la información científica ha sido considerada factor relevante en las decisiones de las autoridades políticas; sin embargo, al irrumpir con fuerza la necesidad de compatibilizar el desarrollo que el país requiere con la conservación del medio ambiente la información científica, especialmente la ecológica, debiese adquirir una mayor relevancia en la toma de decisiones por la autoridad. No obstante cabe tener presente que la investigación científica y la toma de decisiones políticas corresponden a ámbitos distintos. Por una parte la investigación científica aborda hipótesis cuyas respuestas nunca son definitivas y generalmente abre nuevas interrogantes sobre el objeto de la investigación, las que permiten postular nuevas hipótesis. Por otra parte, la toma de decisiones generalmente se debe realizar con la información disponible sin poder esperar las respuestas del proceso científico que nunca termina. Considerando estas y otras diferencias no es razonable esperar que la información científica responda todo lo que la autoridad requiere conocer de manera cierta o definitiva, ni que el investigador asuma el rol del tomador de decisiones. Sin dejar de minimizar la relevancia de información científica, se debe tener presente que esta no es el único tipo de información que el tomador de decisiones debe considerar. En este contexto cabe discutir ¿hasta dónde debe llegar el campo de acción de los científicos sin pasar al campo de acción de los tomadores de decisiones que la sociedad ha establecido?

SIMPOSIO SOCIEDAD DE MICROBIOLOGÍA DE CHILE**ASPECTOS MOLECULARES DE LA PATOGENICIDAD BACTERIANA: IDENTIFICACIÓN Y FUNCIÓN DE DETERMINANTES DE VIRULENCIA**

Coordinador: Inés Contreras

BASES PARA LA CARACTERIZACIÓN DE LA EXPRESIÓN GÉNICA IN VIVO DE *Mycobacterium tuberculosis*. (Bases for characterization of *Mycobacterium tuberculosis* in vivo gene expression). ¹Maulén, N., ¹Pincheira, S., ²Zahrt, T., ¹Bustamante, M., ³Acevedo, V. ¹Universidad Católica de la Santísima Concepción. ²Medical College Wisconsin, Milwaukee-USA. ³Programa Control Tuberculosis; Bío-Bío.

Mycobacterium tuberculosis (Mtb), infecta 1/3 de la población mundial y provoca 3x10³ muertos por Tuberculosis/a Ho. Mientras aumenta el conocimiento de la respuesta inmune del hospedero frente a Mtb, escasa información se genera acerca de los factores de virulencia y patogénesis de Mtb.

Proponemos caracterizar la expresión génica in vivo de Mtb, ello debido a que solo in vivo ocurriría la expresión de los genes "clave" para el establecimiento de la infección aguda o latente en el ser humano, lo cual estaría mediado por ciertos sistemas de transducción de señales descritos en Mtb. Dicha corroboración requiere: Primero, la confirmación diagnóstica de TBC, directamente en muestras clínicas pulmonares, mediante un método propio basado en PCR de tiempo real (PI 2030/2005- DPI). Segundo, la obtención de RNA total de estas y posterior síntesis del cDNA representativo de esta condición fisiológica-TBC activa.

El método diseñado, cuya sensibilidad analítica es 10 bacilos/ml, permite la confirmación diagnóstica del complejo M. tuberculosis en 8 horas. La prueba mostró: Sensibilidad 100%; Especificidad 63%; VPPP 68%, VPPN 100% e Inhibición 0%. La detección de los genes *mprB*, *mprA* y *sigA*, asociados a la infección aguda-persistencia de Mtb, y función housekeeping, se realizó por RT-PCR de tiempo real en sistema LightCycler-Roche.

Financiamiento: FONDECYT 1040978 y privados.

VIRULENCE FACTORS IN *NEISSERIA MENINGITIDIS* AND THEIR POTENTIAL FOR USE AS A GROUP B VACCINE. Zollinger, W., Walter Reed Army Institute of Research, Silver Spring, Maryland, USA.

Analysis of an epidemic outbreak of *Neisseria meningitidis* serogroup B in Iquique Chile in the 1980's illustrates that systemic infection requires both a virulent strain and a susceptible host. Host susceptibility is thought to be mediated by lack of serum bactericidal antibodies or more rarely by a defective complement system. Not all determinants of virulence for *N. meningitidis* have been identified. Among the recognized virulence factors are capsule, lipooligosaccharide (LOS), pili (PilC1), and IgA1 protease. Other factors such as invasins, adhesins, and iron uptake proteins may also be required. Most of these virulence factors have been investigated as potential vaccine candidates. However, group B *N. meningitidis* have acquired multiple mechanisms for evading the host immune response, such as antigenic variation, phase variation, and molecular mimicry. These evasion mechanisms present significant challenges for group B vaccine development. Nevertheless, recent work with LOS, conserved surface proteins identified through genomic approaches, and multivalent outer membrane vesicle vaccines provide encouragement that a broadly protective group B vaccine is feasible. Use of native outer membrane vesicles is a promising approach for presentation of LOS and outer membrane proteins to the immune system in their natural environment and conformation.

EXPRESIÓN DIFERENCIAL DEL LIPOPOLISACÁRIDO: IMPLICANCIAS EN LA PATOGENICIDAD DE *Salmonella enterica* serovar TYPHI. (Differential expression of lipopolysaccharide: role in *Salmonella enterica* serovar Typhi pathogenicity). **Contreras I.** Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

Salmonella Typhi es el agente etiológico de la fiebre tifoidea en el hombre. Una etapa clave en la infección es la invasión del epitelio intestinal, mediada por el sistema de secreción tipo III codificado en la isla de patogenicidad 1. La activación de este sistema requiere el contacto con la célula eucariótica; por esto, la primera interacción de la bacteria con las células epiteliales es crucial para gatillar la invasión. En serovar Typhi la naturaleza de esta interacción no se ha aclarado, pero participaría el lipopolisacárido (LPS). Nuestro trabajo ha investigado la regulación de la biosíntesis del LPS y su participación en etapas claves de la infección por serovar Typhi. Hemos demostrado que la expresión del polisacárido O (AgO) del LPS aumenta en condiciones de fase estacionaria y que en esta modulación participan el antiterminador transcripcional RfaH y los factores sigma de estrés RpoN y RpoS. Utilizando mutantes definidas en genes de la biosíntesis del LPS, demostramos que el AgO contribuye a la resistencia al sistema del complemento, pero no a la adherencia o invasión a células HEp-2 in vitro. En este último proceso es indispensable un residuo de glucosa terminal en la región del "core" del LPS. Defectos en el "core" no afectan la adherencia, la que sería mediada por otras adhesinas. Nuestros resultados sugieren que variaciones en la estructura del LPS le confieren a la bacteria ventajas adaptativas en distintas etapas del ciclo infectivo.

Financiamiento: Fondecyt 1040562.

CARACTERIZACIÓN DE LOS MECANISMOS MOLECULARES DE LA PATOGENICIDAD DE *Salmonella enterica* serovar Typhi. (Characterization of the molecular mechanisms of *Salmonella enterica* serovar Typhi pathogenicity). **Mora Longa G.** Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias de la Salud, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Andrés Bello.

Salmonella enterica serovar Typhi, es un patógeno exclusivo del ser humano que produce una enfermedad sistémica conocida como fiebre tifoidea. Este serovar pertenece a la subespecie I de *Salmonella enterica* que agrupa bacterias capaces de colonizar animales de sangre caliente. Aun cuando en el ámbito genético los serovares de la subespecie I comparten sobre un 90% de identidad a nivel nucleotídico, cada uno de ellos presenta características específicas relacionadas con la sintomatología de la enfermedad que producen y la especificidad de hospedero. Por ejemplo *S. Typhimurium* produce tifoidea al ratón y *S. Gallinarum* a aves de corral. Estas diferencias se deberían principalmente a la adquisición de distintos segmentos genómicos denominados "islas de patogenicidad". Es así que las islas de patogenicidad SPI-1 y SPI-2 son indispensables para la invasión de células epiteliales y supervivencia dentro de células del sistema retículo endotelial, respectivamente. Estas islas se encuentran en todos los serovares que producen enfermedad sistémica en animales. Sin embargo, existen otras islas que se encontrarían solo en ciertos serovares que podrían explicar las diferencias observadas tanto en la especificidad de hospedero como en la persistencia que poseen estos patógenos en el animal. Conocer los mecanismos de la enfermedad nos permitiría prevenir y controlar la fiebre tifoidea. Y desde este modelo de infección se podrían extrapolar conclusiones a otras infecciones bacterianas específicas del humano.

Financiamiento: FONDECYT 1020486

SISTEMAS DE SECRECIÓN TIPO IV Y V DE *HELICOBACTER PYLORI* COMO FACTORES DE VIRULENCIA (Type IV and type V secretion systems from *Helicobacter pylori* as virulence factors). Venegas, A., Palacios, J.P., Martínez P., Olmos, M., Pérez, T., Bruce, E. Pontificia Universidad Católica de Chile.

Helicobacter pylori es un patógeno humano ampliamente distribuido en la población. Su eficiente colonización y persistencia resultan de adecuado equilibrio con defensas del hospedero. Esta interacción está mediada por factores de virulencia, destacándose la citotoxina vacuolizante VacA y CagA, un efector con múltiples actividades que interfiere en la transducción de señales intracelulares del hospedero. En ambos casos las proteínas bacterianas deben alcanzar el citoplasma de células gástricas para ejercer su acción. Utilizan o son parte de sistemas de secreción de proteínas. VacA, definida como autotransportador o sistema tipo V, genera un poro en la superficie bacteriana para exportación de parte de su molécula previo procesamiento. Mediante entrecruzamiento químico y construcción de genes híbridos demostramos que el C-terminal de VacA forma un poro trimérico y permite exposición superficial de proteínas antigénicas. CagA es el efector exportado por el sistema tipo IV codificado en un islote de patogenicidad junto a otros 30 genes. La transferencia funcional de este islote a *Escherichia coli* sugiere que el requerimiento genético necesario para su expresión reside solo en el islote.

La completa caracterización funcional y estructural de estos agentes de virulencia permitirá entender aspectos aún no conocidos de la patogénesis causada por *Helicobacter pylori*.

Financiamiento: FONDECYT 1030894, FONDEF DO2I-1067.

SIMPOSIO SOCIEDAD DE FARMACOLOGÍA DE CHILE

FARMACODEPENDENCIA

Coordinador Iván Saavedra

FARMACODEPENDENCIA: UN PROBLEMA DE SALUD PÚBLICA (Drug-dependence: a public health problem). **Saavedra, I.**, Programa de Farmacología Molecular y Clínica, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

La farmacodependencia o adicción a drogas ilícitas (marihuana, cocaína, heroína), lícitas (anfetamina, morfina, benzodiazepinas) o sociales (tabaco, alcohol) es una enfermedad del cerebro/psiquiátrica que se ha transformado en un problema social por su alta prevalencia y por la iniciación en el consumo-abuso-dependencia cada vez a más temprana edad. Enfrentar esta patología es responsabilidad de todos los actores de la sociedad, por ello en 1990 el **Gobierno de Chile creó el Consejo Nacional para el Consumo de Estupefacientes (CONACE)** cuyo objetivo es prevenir, evitar y disminuir el consumo de drogas, sensibilizar e informar sobre sus efectos, fortalecer los recursos para enfrentar eficazmente el problema, integrando e implementando las políticas públicas de prevención del consumo y tráfico de sustancias ilícitas en el país a través de las diversas instituciones del Estado, promoviendo la dictación de leyes restrictivas del consumo de este tipo de sustancias. Paralelamente el MINSAL posee programas para el tratamiento del alcoholismo y tabaquismo. Con propósitos docentes, extensión e investigación, en las universidades chilenas también se han desarrollado núcleos con responsabilidad en esta materia. De allí provienen los especialistas que participarán en este simposio quienes revisarán la nomenclatura, conceptos y definiciones, se referirán a las bases neurobiológicas de la farmacodependencia, enfocándose en la anfetaminas (metanfetamina, *ecstasy*) y derivados del opio (morfina, heroína).

BASES NEUROBIOLÓGICAS DE LA ADICCIÓN A DROGAS (Neurobiological basis of drug addiction). **Mora, S.**, Programa de Farmacología Molecular y Clínica, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

La adicción a drogas es un trastorno cerebral crónico caracterizado por cambios neurobiológicos que llevan al deseo compulsivo de consumir una droga y a la pérdida del control sobre su ingesta. Existen muchas evidencias acerca de las estructuras cerebrales involucradas en los efectos reforzadores positivos y negativos de las drogas de abuso. Los elementos claves para los efectos reforzadores incluyen estructuras cerebrales como el núcleo accumbens y la amígdala, y neurotransmisores como dopamina, péptidos opioides, serotonina, GABA y glutamato. Por su parte, el síndrome de privación agudo está asociado con síntomas afectivos negativos y desregulación de sistemas de recompensa que incluyen a los mismos neurotransmisores implicados en el reforzamiento agudo, junto con una elevación del neurotransmisor del estrés, el CRF.

Aunque las diferentes drogas de abuso, tales como heroína, cocaína, nicotina, alcohol y marihuana, puedan tener acciones muy disímiles, sus propiedades reforzadoras parecen tener un denominador común: similares efectos sobre los mecanismos cerebrales de recompensa y liberación de dopamina.

El conocimiento de los sistemas neuroquímicos involucrados en la transición desde el uso moderado al consumo compulsivo de una droga podría proporcionar la base racional para el desarrollo de farmacoterapias para la adicción a drogas.

Agradecimientos: Proyecto X.8, Subprograma X, Programa CYTED

DEPENDENCIA DE OPIOIDES: DESDE LA CONDUCTA HASTA LA CÉLULA. (Opiate dependence: from the behavior to the cell) **Sepúlveda, M.J.**, Laboratorio de Neuroquímica y Psicofarmacología, Departamento de Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción.

La morfina es utilizada principalmente para el tratamiento del dolor, siendo su principal inconveniente el rápido desarrollo de tolerancia al efecto antinociceptivo y la farmacodependencia.

La transmisión glutamatérgica está directamente relacionada con este fenómeno de plasticidad neuronal. Estudios conductuales han demostrado que el uso de antagonistas del receptor de N-Metil-D-Aspartato (NMDA) y de otros fármacos antiglutamatérgicos, inhibidores de la liberación de glutamato, reducen el desarrollo de tolerancia y atenúan la intensidad del síndrome de abstinencia.

Desde el punto de vista neuroquímico se ha comprobado que la administración aguda de morfina reduce las concentraciones extracelulares de glutamato en el núcleo accumbens, efecto que no se encuentra después de un tratamiento crónico con este fármaco. La inducción de un síndrome de abstinencia con naloxona o la supresión de morfina produce un aumento considerable de este neurotransmisor en esta zona límbica, lo cual puede ser revertido con fármacos antiglutamatérgicos como acamprosato y riluzol.

A nivel celular, la administración crónica de morfina produce un aumento de la expresión de la sintasa del óxido nítrico (nNOS) y del transportador de glutamato EAAT1 en zonas límbicas, efectos que son revertidos por administración de acamprosato.

El desarrollo de fármacos orientados a la manipulación de la transmisión glutamatérgica neuronal y glial pueden ser alternativas farmacológicas para el tratamiento de la dependencia de opioides.

FARMACOLOGÍA Y TOXICOLOGÍA DE METANFETAMINAS (Methamphetamine's pharmacology and toxicology). **Bustamante, D.**, Cassels B., Herrera-Marschitz M., Programa de Farmacología Molecular y Clínica, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

La metanfetamina es el derivado N-metilado de la anfetamina. Mientras la anfetamina tiene algunas aplicaciones clínicas en el tratamiento de la obesidad, narcolepsia y síndrome de déficit atencional, la metanfetamina no tiene uso terapéutico y es de reconocida toxicidad, a pesar de que no existe consenso en el (los) mecanismo(s) que da(n) cuenta del daño que produce en el tejido nervioso.

La metanfetamina como droga de uso recreacional ha dado origen a algunos derivados como la metileno-dioximetanfetamina (MDMA, *ecstasy*) y para-metoximetanfetamina que forman parte de una familia de fármacos, conocidos genéricamente como "drogas de diseño", las cuales tienen un uso muy difundido como drogas de uso recreacional por la población juvenil asimilada a la cultura tecno-pop (*rave*).

El interés por conocer la toxicología de cada una de estas sustancias en particular es muy importante pues, debido a síntesis parciales o incompletas en laboratorios clandestinos, los comprimidos de *ecstasy* suelen contener 2 o 3 compuestos diferentes de los cuales se desconocen sus propiedades farmacológicas y/o toxicológicas, lo cual hace aún más complejo su abuso.

En este trabajo se revisarán los mecanismos de toxicidad de la metanfetamina y se entregará evidencia obtenida por trabajos realizados en nuestros laboratorios, respecto de algunos de sus derivados.

Agradecimientos: FONDECYT N° 103-0521

SIMPOSIO SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE

INTRODUCCIÓN E INVASIÓN DE ESPECIES EN ECOSISTEMAS CHILENOS

Coordinador: Patricio Camus

INTRODUCCIÓN E INVASIÓN DE ESPECIES EN AMBIENTES CHILENOS (Species introduction and invasion in Chilean environments). ¹Camus, P.A., ²Jiménez, J. ¹: Facultad de Ciencias, Universidad Católica S. Concepción, Casilla 297, Concepción, y Center for Advanced Studies in Ecology & Biodiversity; ²: Laboratorio de Ecología, Universidad de Los Lagos.

La introducción de especies en Chile tiene una larga historia, pero solo recientemente se ha comenzado a evaluar y entender la magnitud de sus impactos. El fenómeno de la introducción es complejo y heterogéneo (tanto como su ámbito normativo), y usualmente sus aspectos más evidentes y controversiales involucran en general especies exóticas y en particular aquellas definibles como invasoras. Sin embargo el impacto de aspectos muy comunes de la introducción, como el reestablecimiento y translocación de especies, es claramente poco conocido. Las introducciones marinas han sido menos estudiadas que las terrestres, aunque existen casos notorios de efectos directos e indirectos derivados de la acuicultura, así como impactos negativos sobre la acuicultura misma. Actividades como la salmonicultura son emblemáticas en ambientes marinos y lénticos, y pueden incluso modificar la diversidad y estructura espacial de la avifauna presente en estos sistemas. En contraste, el rol de factores de gran relevancia potencial como el volumen y dinámica del agua de lastre de las embarcaciones es virtualmente desconocido. En este simposio presentamos casos de estudio terrestres y marinos enfatizando procesos, mecanismos e impactos de la invasión, a fin de identificar algunos aspectos comunes y problemas de investigación prioritarios.

Agradecimientos: FONDAP 15010001-1CASEB

INTRODUCCIONES DE MACROALGAS: EL CASO DE *CODIUM FRAGILE* (CHLOROPHYTA) EN CHILE (Macroalgal introductions: the case of *Codium fragile* (Chlorophyta) in Chile). Neill, P.E.; Navarrete, S.A. & Correa, J.A. CASEB, Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica de Chile.

Alrededor del mundo las macroalgas han sido introducidas tanto en forma intencional (acuicultura) como en forma fortuita. Muchas de estas especies comparten características que favorecen su introducción, establecimiento e invasión. En Chile al menos 15 macroalgas son consideradas no-indígenas o cryptogénicas, sin embargo actualmente solo el alga verde *Codium fragile* es considerada un invasor. Originaria de Japón, esta especie fue reportada como "peste" por primera vez en 1998. En este trabajo reportamos la magnitud de la invasión en Chile y evaluamos experimentalmente sus efectos sobre la estructura y dinámica de reclutamiento de comunidades submareales locales. Actualmente *C. fragile* está presente en más de 25 sitios discontinuos a lo largo de Chile, con mayor abundancia en la zona norte, donde presenta un ciclo anual de cobertura y biomasa, con fuerte decremento hacia finales de verano. Experimentos de terreno demostraron que la presencia de *C. fragile* i) afecta negativamente la biomasa y cobertura de algas filamentosas y foliosas, y ii) afecta positivamente la abundancia de algunos invertebrados móviles. Aunque *C. fragile* es considerada una de las peores especies invasoras a nivel mundial, en Chile su invasión parece estar limitada a sectores cercanos a cultivos, y sus efectos sobre la biodiversidad varían estacionalmente.

CONICYT-AT4040050, PEO-Scholar, IdeaWild, FONDAP 15010001-

PLANTAS EXÓTICAS EN CHILE CENTRAL: CAUSAS, CONSECUENCIAS Y PREDICCIONES (Exotic plant invasions in central Chile: causes, consequences and predictions). **Figueroa, J.A.**^{1,2} & Castro, S.A.^{1,2}. ¹Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad. Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile, Casilla 114-D, Santiago. ²ONG Entorno, Sociedad y Medio Ambiente.

Más de 3500 especies de plantas vasculares han sido introducidas en Chile intencional o involuntariamente. De estas, solo una fracción cercana al 22% se encuentra naturalizada mientras que el resto (78%) se halla en un incierto estatus poblacional. Independientemente de su condición, las especies plantas exóticas tienen el potencial de causar modificaciones sobre diversos aspectos de la diversidad biológica residente, incluyendo procesos biogeoquímicos, frecuencia e intensidad de perturbaciones y patrones de diversidad biológica bajo sus distintas manifestaciones. Tras describir los patrones distribucionales de la flora exótica en Chile central a lo largo de un gradiente urbano - rural, exploramos las causas y posibles consecuencias de la presencia de flora exótica. Finalmente, exponemos posibles líneas de investigación que podrían ser realizadas para una mayor comprensión del fenómeno de las invasiones biológicas en Chile central y en particular de las plantas vasculares.

FONDAP 15010001-1; S.A. Castro agradece financiamiento DIPUC

UNA APROXIMACIÓN MULTIESCALA A LAS INVASIONES DE PLANTAS EXÓTICAS EN ÁREAS PROTEGIDAS: DETECCIÓN DE PATRONES Y CONTRIBUCIONES A LA BIOLOGÍA DE LAS INVASIONES (A multiscale approach to alien plant invasions in protected areas: Pattern detection and insights into invasion biology).

Pauchard, A. ¹Bustamante, R. ²Marticorena, A. ¹Jiménez, A. ¹, & Cavieres, L. ¹. ¹Universidad de Concepción, ²Universidad de Chile.

Las invasiones de plantas exóticas son una amenaza a la conservación de la biodiversidad no solo en zonas perturbadas por el hombre, sino también en áreas naturales. Las plantas exóticas pueden invadir áreas naturales desde la matriz a través de distintos modos de dispersión. Esta presentación busca presentar los resultados de diversos estudios a múltiples escalas (desde la parcela a la región) sobre invasiones en áreas protegidas. Se intenta ilustrar los patrones de distribución de las especies exóticas y su relación con variables ambientales, bióticas y antrópicas. El área de estudio es la zona centro sur de Chile, pero se consideran ejemplos de otros lugares del mundo. Se ha encontrado que las invasiones de especies exóticas están positivamente relacionadas con el grado de perturbación, la cercanía a caminos y los tipos vegetacionales más abiertos. Por el contrario, la altitud y la latitud se correlacionan negativamente con las invasiones. La relación entre diversidad de las plantas exóticas y nativas es variable pudiendo ser positiva o negativa dependiendo del paisaje estudiado. El estudio a múltiples escalas de invasiones en áreas naturales puede ayudar a encontrar generalidades sobre los procesos de invasiones.

FONDECYT 1040528

EL INVASOR *CASTOR CANADENSIS* EN EL ARCHIPIÉLAGO DE TIERRA DEL FUEGO: IMPACTOS Y MECANISMOS SUBYACENTES (*Castor canadensis* invasion to Tierra del Fuego Archipelago: underlying mechanisms and impacts). **Wallem P.K.**^{1*}; Jones, C.G.²; Marquet, P.A.¹ & Jaksic, F.M.¹. ¹Center for Advanced Studies in Ecology & Biodiversity, P. Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. ²Institute of Ecosystem Studies, Millbrook, New York 12545 USA.

La introducción de *Castor canadensis* en 1946 ha tenido graves consecuencias para los bosques del Archipiélago Fueguino. Esta especie se caracteriza por modificar variables ambientales mediante interacciones no tróficas. Actualmente se ha expandido por los bosques magallánicos, el matorral y estepa patagónica. El éxito de esta invasión podría explicarse por la ausencia de depredadores, que resultaría en un incremento del área impactada en comparación a su hábitat nativo. El presente trabajo describe el uso de hábitat por *C. canadensis* y sus impactos en el Archipiélago Fueguino. Se midieron variables edáficas y vegetacionales asociadas a tres tipos de parches: prístinos, con castoreras activas y castoreras abandonadas. Mediante transectos perpendiculares a los cuerpos de agua se caracterizó la riqueza y abundancia relativa de las especies herbáceas, la profundidad de sedimentación, humedad del suelo y cantidad de desechos leñosos presentes en cada parche. En base a los antecedentes se discute la importancia de la ausencia de depredadores como mecanismo subyacente a esta invasión, así como la naturaleza y extensión de la modificación de hábitat por *Castor canadensis* en Tierra del Fuego.

Agradecimientos: Conicyt 24050122, FONDAP 1501-0003, Universidad de Magallanes.

SIMPOSIO SOCIEDAD DE MICROBIOLOGÍA DE CHILE

PATÓGENOS ZONÓTICOS

Coordinador: Heriberto Fernández

IMPORTANCIA EPIDEMIOLÓGICA DE *LISTERIA MONOCYTOGENES* EN LA INDUSTRIA ALIMENTARIA (Epidemiological importance of *Listeria monocytogenes* in the food industry). **Schöbitz, R.** Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Austral de Chile.

L. monocytogenes es un patógeno de alta peligrosidad, pero de baja incidencia que afecta particularmente a niños, ancianos, personas enfermas y mujeres embarazadas. La bacteria puede estar presente en distintas materias primas, donde el mayor riesgo lo constituyen los alimentos listos para el consumo ("Ready to Eat Food") y productos lácteos elaborados con leche cruda. Los casos de listeriosis reportados a nivel mundial son mayoritariamente debido al consumo de productos lácteos y cárnicos sin embargo, *L. monocytogenes* también puede encontrarse en salmón ahumado en frío y en otros productos marinos. La industria procesadora de alimentos ha tomado medidas para enfrentar el problema, mediante la aplicación de productos químicos a superficies de trabajo y equipos y un riguroso control de los tratamientos térmicos. Un problema adicional para eliminar el patógeno de una industria de alimentos es la formación de biopelículas ("biofilm") sobre diferentes superficies, lo cual dificulta su destrucción con higienizantes. Como medida preventiva a la formación de biopelículas se ha propuesto la aplicación de nisina, péptido de origen microbiano con antagonismo en contra de *L. monocytogenes*. La reglamentación sanitaria chilena no incluye este patógeno entre las especificaciones, en EE.UU de N.A. en cambio existe tolerancia cero en alimentos listos para el consumo, en tanto la Comunidad Europea acepta niveles de < 100 ufc /g en alimentos para poblaciones no sensibles.

CAMPYLOBACTER Y ARCOBACTER. **Fernández H.** Instituto de Microbiología Clínica Universidad Austral de Chile. hfernand@uach.cl

Los géneros *Campylobacter* y *Arcobacter* (Familia *Campylobacteraceae*), agrupan varias especies zoonóticas, cuya morfología corresponde a bacilos Gram negativos curvos.

C. jejuni subsp. *jejuni* (*C. jejuni*), es la especie aislada con mayor frecuencia. Produce diarrea en todos los grupos etarios de ambos sexos, siendo más frecuente en los 2 primeros años de vida en países en vías de desarrollo. Puede cursar como un cuadro exudativo, expresando su capacidad invasora, la cual puede detectarse en cultivos celulares. En otros casos, el cuadro se manifiesta como una diarrea secretora, que estaría determinada por una enterotoxina, la cual promueve secreción acuosa aumentada en la mucosa intestinal de ratas y alteraciones morfológicas en células CHO con aumento de AMPc intracelular. También se ha demostrado la producción de diversas citotoxinas. En varios países, incluido Chile, se ha aislado cepas resistentes a eritromicina, tetraciclina, cloramfenicol, ampicilina y, más recientemente, a quinolonas, constituyendo esto último, un problema emergente.

Especies del género *Arcobacter* (*A. cryaerophilus* y *A. butzleri*), han sido aisladas, preferentemente de animales, alimentos de origen aviar y del medio ambiente. Es posible que *A. cryaerophilus* tenga capacidad invasora y enterotoxigénica. En *A. butzleri* ha sido demostrada capacidad de adherencia, de invasión y de citotoxigenicidad. Aun cuando son consideradas especies emergentes, no existen métodos estandarizados para su aislamiento que permitan establecer su real frecuencia de aislamiento como agentes de diarrea.

Fianciamento: proyecto FONDECYT 1030245

SIMPOSIO SOCIEDAD DE BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR DE CHILE

TÓPICOS ESPECIALES EN RETROVIROLOGÍA

Coordinador Marcelo López

INTEGRACIÓN RETROVIRAL: INTEGRASA DEL VIRUS DE LEUCEMIA MURINO MOLONEY (MoMuLV).

Vera, J., Gajardo, H., Henríquez, D., León, O. Programa de Virología. Facultad de Medicina. Universidad de Chile.

La integración del DNA retroviral en el DNA de la célula huésped es una etapa esencial para la replicación de los retrovirus. Esta etapa requiere de la integrasa viral, sin embargo, se ha sugerido que otras proteínas virales y celulares, participan en el proceso.

Nuestro laboratorio está interesado en el estudio de la integrasa de Moloney MuLV (MoMuLV) como modelo de integración. En este modelo se desea determinar el tipo de interacciones proteína-proteína y proteína-DNA mediados por la integrasa viral en el complejo de preintegración.

Actualmente no se dispone de información cristalográfica de la enzima por lo que para establecer zonas de contacto proteína-DNA hemos utilizado entrecruzamiento y mutagénesis sitio dirigida. Estas herramientas han permitido identificar regiones específicas de la proteína involucradas en el reconocimiento del DNA viral.

Por otra parte la integrasa de MoMuLV se ha expresado en *S. cerevisiae*. En este sistema se ha demostrado que el ingreso de la integrasa al núcleo produce un fenotipo letal en cepas que poseen defectos en reparación. Este fenotipo letal es dependiente del factor de transcripción SNF5, lo que está de acuerdo con observaciones que indican que la integración se produciría en regiones en activa transcripción. Este sistema puede ayudar en la identificación de factores celulares homólogos que interactúan con la integrasa.

Financiado por proyecto Fondecyt 1040409.

RECENT ADVANCES IN THE BASIC BIOLOGY OF MOUSE MAMMARY TUMOUR VIRUS

²Indik, S., ^{2,3}Länge-Rouault, F., ^{1,2}Dangerfield, J.A., ^{1,2}Metzner, C., ^{1,2}Rungaldier, S., ^{1,2}Badihi Nejad Asl, S., ^{1,2}Faschinger, A., ³Salmons, B., and ^{1,2}Günzburg, W.H.¹Research Institute of Virology and Biomedicine, ²Christian Doppler Laboratory for Gene Therapeutic Vector Development and ³AUSTRIANOVA Biotechnology, University of Veterinary Sciences, Vienna, Austria.

The existence of a negative *trans*-acting factor (Naf) in MMTV has been known for some time; however, efforts to clearly identify a role for the factor have been unsuccessful. Recently, we could show that Naf is responsible for the differential expression of at least 10 different cellular factors, some of which it seems may be linked to the reproducible down regulation of gene expression and reduced growth rates that characterise Naf positive cells.

Despite the advances made with the *trans*-acting Rev-like protein mechanisms of lentiviruses and the *cis*-acting RNA transport elements (CTEs) of beta retroviruses, little was known about the mechanisms that promote nuclear export of incompletely spliced MMTV mRNA. We have shown that HIV-1 Rev can *trans*-regulate expression of MMTV containing genes and also specifically interact with MMTV RNA. More recently, we have identified a novel karyophilic viral protein encoded by a multiple spliced transcript and additionally shown that export of non-spliced MMTV mRNA is dependent on the Crm1 pathway. Further, we have identified a mechanism novel to retroviruses for the expression of Env protein.

In the last few years, based mainly on highly homologous to MMTV sequences identified by PCR in tumour samples, MMTV has been increasingly implicated in human breast cancer. Using both wild-type as well as a genetically marked full length virus, we have for the first time shown that MMTV is indeed capable of infecting human cells at a level comparable to murine mammary epithelial cells. Further work is currently underway to characterise and compare integration sites in the mouse and human genomes.

INICIACIÓN DE LA SÍNTESIS DE PROTEÍNAS EN RETROVIRUS. Rivas, A., Holzmann, C., Tapia, K., López-Lastra, M.

Laboratorio de Virología Molecular, Centro de Investigaciones Médicas, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Los retrovirus se caracterizan por replicar a través de un intermediario de DNA el cual se integra en el material genético del hospedero. Una vez integrados, el provirus utiliza la maquinaria celular para transcribir y posteriormente, traducir sus mensajeros (mRNA). El mecanismo de iniciación de traducción dependiente de la estructura 5'Cap es utilizado por la mayoría de los mRNA celulares para iniciar el proceso de síntesis de proteína. Sin embargo, el mensajero viral que codifica para las proteínas estructurales Gag y Gag-Pol es capaz de reclutar la subunidad 40S ribosomal de manera independiente del extremo 5'Cap, vía un sitio interno de entrada a ribosomas, IRES. La utilización de este mecanismo alternativo para la iniciación de la síntesis de proteína permite a los retrovirus asegurar la síntesis de sus proteínas estructurales en condiciones en las cuales la síntesis de proteína Cap-dependiente está inhibida. El mecanismo por el cual el aparato traduccional del hospedero reconoce los IRES virales aun no ha sido dilucidado. En esta presentación se discutirá el mecanismo de iniciación de la síntesis de proteína en retrovirus y su implicación en el proceso de replicación viral. Además, se especulará sobre la potencialidad de desarrollar nuevas terapias antiretrovirales que utilicen como blanco la síntesis de proteína viral.

Financiamiento: Proyecto DIPUC 2005/14PI.

INTRACELLULAR FORMATION OF INFECTIOUS HUMAN IMMUNODEFICIENCY VIRUS. ¹Grigorov, B., ²Arcanger, F., ²Roingeard, P., ¹Muriaux, D., ¹Darlix, J-L.

(1) LaboRetroUnité de virologie humaine INSERM-ENS #412, IFR128, ENS 46 allée d'Italie, 69 364 Lyon, France. fax 00 33 4 72 72 8080. (2) Laboratoire de Biologie Cellulaire et de Virologie, Faculté de Médecine de Tours, France.

The canonical view of the ultimate steps of HIV-1 replication is that virus assembly and budding take place at the plasma membrane of infected cells. However, recent studies revealed that these steps also occur on endosomal membranes in the interior of infected cells, such as macrophages. Thus we wanted to revisit the site of infectious HIV-1 formation in human cell lines and in infected T CD4+ cells. To address these issues, we investigated the intracellular trafficking of the major viral structural components of HIV-1, namely Gag, Env and the genomic RNA. Using an original subcellular fractionation method, as well as immuno-confocal and electron microscopy, we show that Gag, Env and the genomic RNA accumulate in Lamp3-enriched vesicles. These endosomal vesicles contain infectious HIV-1 particles. Also, while in human cell lines HIV-1 assembles and buds both in endosomes and at the plasma membrane, in infected T CD4+ lymphocytes, the process of viral assembly mostly occurs within the cell where large amounts of infectious virions accumulate in late endosomes. Thus, our results favor a general mechanism of intracellular HIV-1 formation whereby newly made Gag molecules associate with the genomic RNA in the cytosol, then viral core complexes are targeted to late endosomes together with Env, ultimately allowing virus morphogenesis before their release by exocytosis.

SIMPOSIO SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE

SERVICIOS ECOSISTÉMICOS DE LOS BOSQUES: DESAFÍOS PARA LA CIENCIA Y SU APLICACIÓN

Coordinador: Antonio Lara

¿EL BENTOS PROPORCIONA SERVICIOS ECOSISTÉMICOS VALORIZABLES? (¿Does benthos provide estimable ecosystems services?). **Mulsow, S.** Instituto de Geociencias – Núcleo Milenio FORECOS, Universidad Austral de Chile, Valdivia sandormulsow@uach.cl

La necesidad de establecer relaciones entre biodiversidad, servicios ecosistémicos y funciones ecológicas de un determinado bioma son imperiosas para poder predecir el efecto de la pérdida de biodiversidad, y proponer planes de conservación para el mismo.

En los diferentes biomas reconocidos y definidos en nuestro planeta, las interfaces entre ecosistemas son de importancia primordial para entender su funcionamiento (flujos de energía). El bentos es una interface tan importante como la del aire y la biósfera. Más del 70 % del planeta está representado por agua y, por lo tanto, de bentos. Sin embargo poco esfuerzo ha sido dedicado a descubrir, cuantificar y definir servicios ecosistémicos proporcionados por esta interface.

En este trabajo primero se definirá el bentos y su funcionalidad desde el inicio de la primera infaunalización, la cual ocurrió en el paleozoico inferior, hace más de 700 millones de años. Se presentará el estado del arte en el estudio de esta interface, la cual ha permitido la modelación del futuro o fin (consumo/acumulación) de material (sólido o disuelto) sedimentando en esta interface. Finalmente se intentará responder a la pregunta inicial a través de ejemplos cuantitativos de servicios ecosistémicos proporcionados por esta interface en las zonas costeras del sur Chile, las cuales pueden ser aplicadas a otras partes del planeta en donde se encuentre presente una interface agua-sedimento.

Agradecimientos: Iniciativa Científica Milenio, Universidad Austral de Chile.

DESAFÍOS PARA COMPRENDER Y CUANTIFICAR LOS SERVICIOS ECOSISTÉMICOS DEL BOSQUE NATIVO. (Challenges to understand and to quantify forests ecosystems services). **Lara, A.** Núcleo Científico Forecos, Universidad Austral de Chile, antoniolara@uach.cl

Los bosques nativos de Chile proveen importantes servicios ecosistémicos a la sociedad, tales como producción de agua, conservación de suelos, recreación y otros, que son la base de actividades económicas de gran relevancia a nivel regional y nacional. Por lo tanto existe el desafío de cuantificar estos servicios y de buscar sistemas de manejo que permitan mantenerlos, a fin de contar con información que es clave para revertir su desfavorable situación de conservación.

La investigación realizada por el núcleo científico FORECOS en la zona de Valdivia indica que aquellas micro-cuencas cubiertas por bosques nativos tienen un índice de escorrentía (caudal/precipitación) de verano más de tres veces superior al de las cuencas dominadas por plantaciones de pino radiata o eucalipto. Por otra parte, se han desarrollado funciones que muestran una alta correlación de signo positivo entre la abundancia de salmonídeos en los ríos con la cobertura de bosque nativo en la zona ribereña. También hemos desarrollado modelos predictivos que explican la concentración de oxígeno disuelto en el Estuario de Reloncaví en función del caudal del Río Puelo registrado entre 5 y 8 semanas antes, información clave para la salmonicultura. Finalmente, a partir de anillos de crecimiento de *Pilgerodendron uviferum* y *Austrocedrus chilensis* se ha reconstruido el caudal del Río Puelo desde el año 1600, observándose ciclos de variación de 84 años y una fuerte tendencia a la disminución desde 1943.

Agradecimientos: Iniciativa Científica Milenio, Universidad Austral de Chile.

VALORACIÓN ECONÓMICA DE SERVICIOS ECOSISTÉMICOS DE LOS BOSQUES TEMPLADOS DE CHILE: RESULTADOS Y DESAFÍOS (Economic Valuation of Ecosystem Services in Chilean Temperate Forests: Results and Challenges). **Nahuelhual, L.** Instituto de Economía Agraria, Núcleo Milenio FORECOS, Universidad Austral de Chile

Los bosques templados de Chile proveen servicios ecosistémicos de importancia local y global. Entre estos se encuentran la provisión de oportunidades recreacionales y de belleza escénica, la mantención de un clima favorable, la provisión de agua para usos consuntivos y no consuntivos, la mantención de la fertilidad del suelo, y la conservación de la diversidad biológica. Ya que estos servicios no se registran en los mercados formales o no son evaluados en términos comparables a otros bienes de mercado, su valor no se refleja en las decisiones públicas y privadas respecto de la conservación o transformación de los ecosistemas boscosos. Un gran desafío en la valoración de los servicios ecosistémicos radica en poder integrar el conocimiento sobre el funcionamiento ecológico de los mismos y herramientas económicas. El entendimiento de los distintos servicios, sus interacciones, y las condiciones de sustentabilidad deben generarse de la investigación ecológica. La valoración económica, por otra parte, ofrece una forma sistemática en la cual una amplia gama de valores pueden ser asignados a tales servicios e incluidos en la discusión de política ambiental.

La investigación del núcleo científico FORECOS se centra en la cuantificación y valoración económica de los servicios ecosistémicos de los bosques de la Ecorregión Valdiviana (35°S-48°S), hacia el diseño de esquemas de manejo sustentables que permitan mantenerlos o aumentarlos. En este estudio se presentan resultados del valor económico de los servicios de producción de madera y productos no madereros, oportunidades de recreación, y provisión de agua para consumo humano.

Agradecimientos: Iniciativa Científica Milenio, Universidad Austral de Chile.

PROPUESTA DE UN MECANISMO PARA LA IMPLEMENTACIÓN DE PAGO POR SERVICIOS AMBIENTALES (PSA): CASO EXPERIMENTAL EN RELICTOS DE *NOTHOFAGUS ALESSANDRI* (RUIL) EXISTENTES EN LA COMUNA DE CUREPTO, VII REGIÓN DEL MAULE - CHILE. (Proposal of payment schemes for environmental services: a case study in natural forest *Nothofagus alessandri* (ruil), seventh region - Chile.) **Villalobos, P.**⁽¹⁾ y Huenchuleo, C.⁽¹⁾

⁽¹⁾ Departamento de Economía Agraria, Universidad de Talca - pvillal@utalca.cl ⁽²⁾ Norte 685 Casilla 747 – Talca – Chile

Las inadecuadas prácticas productivas han afectado sistemáticamente los ecosistemas forestales naturales. Este es el caso del *Nothofagus alessandri* (Ruil), especie endémica de la Región del Maule, considerada un hotspot a nivel mundial.

La investigación realizada desde Abril 2004 hasta Enero último, tuvo por finalidad diseñar una propuesta de mecanismo para el desarrollo de un Sistema de Pagos por Servicios Ambientales (PSA), a partir de la valoración económica del relicto Ruil, presente en la comuna de Curepto.

Para ello se llevó a cabo un estudio de valoración contingente, con el propósito de determinar la disposición a pagar de los habitantes de la comuna para la creación de un Fondo de Protección Ambiental, como parte del diseño de un mecanismo de implementación de PSA. Los resultados más destacados son: 1) Existe una positiva disposición a pagar por contribuir al Fondo de Protección Ambiental, 2) Los entrevistados consideran adecuado, en su gran mayoría, tanto el mecanismo de pago como la forma de articulación social para el diseño que sustenta la gestión del mecanismo, 3) Los fondos recaudados cubren los costos de oportunidad de los agricultores oferentes de los servicios. Los principales factores que determinan una positiva disposición a pagar son: la preocupación por la pérdida del bosque nativo y el ingreso familiar mensual.

SIMPOSIO SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE**ABRIENDO NUEVAS FRONTERAS USANDO MÉTODOS
MOLECULARES EN LA ECOLOGÍA Y EVOLUCIÓN**

Organizado por: Núcleo Milenio - Centro Milenio de Ecología Avanzada y de Investigación en Biodiversidad (CMEB)
Coordinadores: Mary Kalin y Rodrigo Medel

STOCHASTIC CHARACTER MAPPING OF MORPHOLOGICAL TRAITS IN EVOLUTIONARY STUDIES. **Bollback, JP.** Center for Bioinformatics, University of Copenhagen, Universitetsparken 15, Byning 10, DK-2100, Copenhagen Ø, Denmark.

Inferring ancestral histories has been an invaluable tool in evolutionary studies. The use of ancestral character histories can be found across a diverse range of biological disciplines, reaching from molecular evolution and population genetics, to inquiries in morphology, paleontology, and ecology. While the history of a character is not directly observable, we can infer these histories given information about the character states of a group of species and a phylogeny describing the species relationships. While, current statistical methods for reconstructing ancestral histories — maximum likelihood and Bayesian inference — do not suffer from the problems of the parsimony method, they, unfortunately, often still rely on parsimony to infer character state changes. A new method, Bayesian stochastic character mapping, is introduced that provides a parsimony free approach to inferring morphological ancestral histories. Unlike, other statistical approaches, stochastic character mapping provides more detailed information about character evolution — timing of changes, placement of changes, and the order of changes on the phylogeny — and easily accommodates uncertainty in the phylogeny and character model. These aspects of the method permit a wide diversity of evolutionary questions to be addressed; correlated character evolution, tests of key innovations and homoplasy, and direction and order of state changes, among others.

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE LA PREDICTIBILIDAD DE LOS SÍNDROMES DE POLINIZACIÓN EN *SCHIZANTHUS* (SOLANACEAE) (Phylogenetic analysis of pollination syndrome predictability in *Schizanthus*). **Pérez F,** Arroyo MTK, Medel R, & Hershkovitz M. Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

El reconocimiento de síndromes de polinización en plantas ha sido una de las principales evidencias del papel de los polinizadores en la evolución de la morfología floral. Sin embargo, estudios ecológicos muestran que la posesión de un síndrome raramente impide la polinización por animales distintos a los esperados por éste. Nuestro objetivo fue estudiar el grado de correspondencia entre los visitantes de las flores y los síndromes de polinización presentes en *Schizanthus* (abejas, polillas y picaflores) y evaluar si los “desajustes” entre ellos podían ser el reflejo de restricciones filogenéticas en la evolución de los caracteres florales o de sus patrones de correlación. Basados en una filogenia molecular, reconstruimos los estados ancestrales de los caracteres florales, examinamos las trayectorias evolutivas de los síndromes y evaluamos la influencia de la filogenia en la evolución de los caracteres y de sus patrones de correlación. Observamos distintos grados de correspondencia entre los síndromes y los visitantes. Los aparentes “desajustes” no pudieron ser atribuidos a restricciones filogenéticas. Sin embargo, encontramos evidencias de la ocurrencia de estados intermedios generalistas que podían dar cuenta parcialmente de estos “desajustes”.

Beca Postdoctoral del Proyecto P-02-051-F Núcleo Milenio CMEB.

FILOGEOGRAFÍA DE ROEDORES SIGMODONTINOS DE LOS BOSQUES RELICTOS Y TEMPLADOS DE CHILE (Phylogeography of sigmodontine rodents of the relictual and southern temperate forests of Chile). **Palma RE**^{1,2}, Boric-Barguetto, D¹, Cancino R¹ & Muñoz JC¹. Departamento de Ecología¹ y Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad², Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago.

En las costas de Chile central (30-33°S) existen bosques relictos que presentan conexiones florísticas y faunísticas con los bosques templados del sur. Estas áreas relictuales se habrían originado como consecuencia de los ciclos glaciares e interglaciares que afectaron la biota del sur de Chile durante el Pleistoceno. Se evaluaron los efectos del aislamiento en poblaciones de roedores sigmodontinos de los géneros *Abrothrix* y *Oligoryzomys* que habitan bosques relictos y templados. Usando marcadores moleculares evaluamos si las poblaciones de sigmodontinos de ambas comunidades han respondido genéticamente de manera diferente al fenómeno de aislamiento en bosques relictos. Evaluamos si existe una mayor diferenciación genética a nivel nucleotídico en especies de *Abrothrix* que en *Oligoryzomys* debido a que ambos taxa se caracterizan por una ecología diferente. Para evaluar estos objetivos secuenciamos el Dominio Hipervariable I de la región control del mtDNA en 93 especímenes de *A. olivaceus* y 118 de *O. longicaudatus*. Los datos fueron analizados filogenéticamente y filogeográficamente. Las poblaciones de *Abrothrix* de los bosques relictos están estructuradas y presentan una marcada diferenciación genética con las de bosques templados, patrón que no es observable en *Oligoryzomys*. FONDECYT 1030488; FONDECYT-FONDAP-CASEB; NIH-ICIDR 1 U19 AI45452-01

PATRONES DE DIVERSIFICACIÓN Y BIOGEOGRAFÍA EN EL GÉNERO SUDAMERICANO CHAETANTHERA (ASTERACEAE) (Patterns of diversification and biogeography in the South American genus *Chaetanthera* (Asteraceae)). **Hershkovitz M**, Arroyo MTK & Medel R. Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

Chaetanthera Ruíz & Pav. (Asteraceae: Mutiseae) comprende 40-50 taxa distribuidos desde los Andes de Perú a Chile y Argentina, llegando a los desiertos y zona mediterránea de Chile. Se están secuenciando las regiones rDNA-ITS nuclear y los espaciadores intergénicos cloroplasmáticos ycf3-trnS y rp132-trnL para especies del género. Los datos preliminares indican que los subgéneros de altura, *Eganía* y *Oriastrum*, son taxa hermanos monofiléticos. *Eganía* presenta especies perennes distribuidas en el altiplano y en los Andes de Chile central y Argentina, mientras que *Oriastrum* comprende principalmente especies anuales de los Andes de Chile central y Argentina. La divergencia de estos dos subgéneros data probablemente del Mioceno y su divergencia de otros integrantes del género posiblemente del Cretácico Superior o Eoceno. Los subgéneros *Tylloma* y *Carmelita* son artificiales, pero juntos comprenden un clado de edad comparable a aquel compuesto por *Eganía* y *Oriastrum*. Los subgéneros *Euchaetanthera* y *Proselia* también son polifiléticos - las relaciones entre estos últimos, y de estos con el subgénero *Glandulosa*, crean conflictos entre los árboles de ADN nuclear y cloroplasmático. Esto sugiere que estos taxa podrían ser el producto de una hibridación antigua. Nuestros datos indican que algunos de los taxa delineados por caracteres morfológicos son polifiléticos, demostrando el poder de la aproximación molecular.

Fondecyt 1020956; Ecos-Chile-France; ICM P02-051-F

INFERENCIA GENÉTICA ACERCA DE LA HISTORIA DEMOGRÁFICA DE LOS PEQUEÑOS PECES PELÁGICOS DEL PACÍFICO ESTE (Population genetic inference of the demographic history of small pelagic fish in the East Pacific).

Poulin E & Silva A. Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile, El Jurel, la anchoveta y la sardina española pertenecen a los tres géneros de pequeños peces pelágicos (*Trachurus*, *Engraulis*, *Sardinops*) que constituyen grandes poblaciones en el Pacífico Este, tanto en el Hemisferio Norte como en el Sur. El hábitat que comparten se caracteriza por la ocurrencia recurrente de surgencias que determinan el alto nivel de productividad del sistema y explican la gran abundancia de estos recursos pesqueros. Sin embargo, esta alta productividad ha sido y está actualmente siendo afectada por eventos climáticos de diferentes escalas, tales como las provocadas por la Oscilación del Sur, Oscilación Decadal o las glaciaciones pleistocénicas, resultando en variaciones notables de los tamaños poblaciones en los diferentes componentes del ecosistema pelágico. Dado que las disminuciones drásticas en abundancia dejan huellas sobre la diversidad genética de las poblaciones, estamos comparando las señales encontradas en la variabilidad de la región Dloop del ADN mitocondrial entre especies y entre hemisferios para inferir y comparar la historia demográfica de los peces pelágicos del Pacífico Este. Se presentarán datos sobre cuellos de botella que han afectado a las especies en estudio y sus implicancias ecológicas y evolutivas.

Fondecyt 1040785, Fondap-Fondecyt 1501-0001, Corpeca S. A.

SIMPOSIO SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE SOCIEDAD DE MICROBIOLOGÍA DE CHILE

ECOSISTEMAS Y MICROORGANISMOS

Coordinador: Bernardo González

PAPEL FUNCIONAL DE LOS MICROORGANISMOS EN ECOSISTEMAS TERRESTRES: PROCESOS BIOGEOQUÍMICOS EN BOSQUES DEL SUR DE CHILE (Functional role of microorganisms in terrestrial ecosystems: biogeochemical processes in southern Chilean forests) **Carmona M. R.**; Armesto J. J.; Guevara, R. & Pérez, C. Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity (CASEB), P. Universidad Católica, y CMEB, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

A nivel global se estima que el 50% del carbono biológico y el 90% del nitrógeno está contenido en organismos procariontes. Los microorganismos participan en procesos ecosistémicos claves de ecosistemas terrestres como la mineralización de materia orgánica en el suelo y el ciclaje interno de Nitrógeno (N). La disponibilidad de N combinado es limitante para la producción primaria de muchos ambientes terrestres y, recientemente, este ciclo ha sido alterado drásticamente por la producción antropogénica de N y empleo generalizado de fertilizantes. A través de investigaciones realizadas en bosques templados de la Isla de Chiloé, se ha documentado el papel funcional de los microorganismos en los flujos de N, bajo distintos grados de perturbación humana. Estos trabajos ilustran la relevancia de los microorganismos a diferentes escalas en los ecosistemas. Se discuten las consecuencias de la perturbación de los bosques en procesos microbianos del suelo y la importancia de una mirada conjunta de ecólogos y microbiólogos para abordar esta problemática. Apoyado por el proyecto FONDAP-FONDECYT (proyecto 1501-0001, programa 3).

DIVERSIDAD GENÉTICA DE ENSAMBLES MICROBIANOS RELACIONADOS CON EL CICLO DEL NITRÓGENO (Genetic diversity of microbial assemblages involved in the nitrogen cycle) **Carú, M.**; Guevara, R.; Chavez, M. & Corredor, P. Depto de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias Universidad de Chile. mcaru@codon.ciencias.uchile.cl

Los microorganismos cumplen funciones únicas en los ciclos biogeoquímicos y por lo tanto pueden ser considerados componentes claves de los ecosistemas. Sin embargo, poco se conoce sobre su diversidad genética y función en su habitat natural, debido principalmente a que la mayoría de los microorganismos son refractarios al aislamiento y cultivo. Actualmente, con el desarrollo de técnicas moleculares es posible acceder a la diversidad microbiana, utilizando biomarcadores que permiten rastrear su presencia en muestras ambientales.

El ciclo del nitrógeno comprende una serie de transformaciones de óxido/reducción, mediadas por grupos de microorganismos que son metabólicamente diversos. Para estudiar estos grupos funcionales hemos seleccionado, como modelo de estudio, la rizósfera de plantas que establecen simbiosis con bacterias diazótroficas (actinorrhizas y rizobiales).

Los datos obtenidos indican que las poblaciones de microsimbiontes presentes en los nódulos radiculares son poco variables, pero con una importante capacidad de fijación de nitrógeno en el suelo comparada con los fijadores libres. La presencia de la planta modifica el contenido de nitrógeno disponible en el suelo y la composición de grupos muy relacionados fisiológicamente como las bacterias oxidadoras de amonio o las bacterias rizobiales o actinorrhizas dentro del ensamble de diazótroficos.

Determinar la diversidad y función de estos ensambles microbianos es relevante para comprender el papel de la microbiota en los ecosistemas.

Financiamiento Proy. FONDECYT 1040880

RESPUESTAS DE ENSAMBLES DE MACROALGAS E INVERTEBRADOS AL ENRIQUECIMIENTO CRÓNICO POR COBRE EN AMBIENTES COSTEROS DEL NORTE DE CHILE. (Responses of seaweed and invertebrate assemblages to chronic copper enrichments of coastal areas in northern Chile). **Correa, J.A.** Depto. de Ecología, y Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity (CASEB). Facultad de Ciencias Biológicas. P. Universidad Católica de Chile. Santiago, Chile. jcorrea@bio.puc.cl

Perturbaciones con efectos severos y persistentes sobre la diversidad, estructura y función de los ensambles de macro-organismos bentónicos que normalmente ocurren en la zona intermareal pueden estar asociadas a eventos naturales (e.g. el Niño), o a actividades antrópicas. En este contexto, las actividades de la minería cuprífera, especialmente aquellas implementadas con anterioridad a regulaciones que atenúan su impacto sobre el entorno, son reconocidas por su efecto reductor de la riqueza de especies y cambios en las abundancias relativas de las especies que persisten. En Chile, hemos usado la zona vecina al puerto de Chañaral como modelo para estudiar las respuestas de los ensambles de algas e invertebrados intermareales a la contaminación por cobre de las aguas costeras, resultado de las descargas de residuos provenientes del complejo Potrerillos-El Salvador y que han impactado el sector por más de sesenta años. Esta presentación incluirá las respuestas de la biota de playas rocosas y de arena, enfatizando los cambios en términos del número y estrategias de vida de las especies de macro-algas que persisten en el área impactada así como la estructura comunitaria simplificada resultante. Se entregarán, además, elementos conceptuales para discutir de manera integrada los efectos del cobre sobre ensambles de macro y micro-organismos.

Apoyado por FONDAP-FONDECYT (1501-0001, programa 7), Genómica Marina CONICYT Bicentenario e International Copper Association.

RESPUESTAS DE LA COMUNIDAD MICROBIANA A PERTURBACIONES AMBIENTALES. (MICROBIAL COMMUNITY RESPONSES TO ENVIRONMENTAL PERTURBATIONS). **González, B.** Depto. de Genética Molecular y Microbiología, y Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity (CASEB). Facultad de Ciencias Biológicas. P. Universidad Católica de Chile. Santiago, Chile. bgonzalez@puc.cl

Es bien aceptado que los microorganismos cumplen múltiples funciones en el ambiente, cuyo estudio, por años, ha estado limitada por el empleo de técnicas dependientes de cultivo, las que solo permiten analizar una fracción muy pequeña de los microorganismos. El reciente desarrollo y uso de técnicas moleculares, independientes de cultivo, para estudiar la presencia y actividad de los microorganismos ha producido una verdadera explosión de información sobre la actividad de estos en el ambiente. En esta exposición se analizarán resultados recientes, obtenidos mediante estas técnicas, respecto a las respuestas de los microorganismos frente a perturbaciones ambientales. Se dará evidencia sobre la resiliencia de los microorganismos ante la presencia de un antimicrobiano excretado por una planta; los efectos en la estructura de la comunidad bacteriana frente a la presencia de distintos tipos de herbicida; la gran diversidad de genes catabólicos claves que se observa en un suelo expuesto a distintos tipos de herbicida; las respuestas de la comunidad microbiana ante la introducción de una bacteria especializada en degradar contaminantes organoclorados y los efectos del cobre en las comunidades bacterianas presentes en relaves de cobre y en el intermareal rocoso del norte de Chile. En este último ecosistema se han determinado respuestas diferentes de la comunidad microbiana en los distintos compartimentos: algas, roca, agua de mar y sedimentos. Apoyado por el proyecto FONDECYT 1030493, FONDAP-FONDECYT (proyecto 1501-0001, programa 7), el proyecto ICA4-CT-2002-10011 (ACCESS) de la Comunidad Europea, el proyecto Genómica Marina-CONICYT, y FUNDACION ANDES, proyecto C-13851.

TALLER DE BIOÉTICA: FUENTES DE FINANCIAMIENTO DE LA INVESTIGACIÓN Y LOS EVENTUALES CONFLICTOS DE INTERÉS

Coordinador: M. Santos

Damian Campos¹; Manuel Santos^{2,5}; Tito Ureta^{3,5}; Carlos Valenzuela^{4,5}; ¹Fundación Chilectra Activa, Santiago, Chile; ²Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile; ³Facultad de Ciencias, Universidad de Chile; ⁴Facultad de Medicina, Universidad de Chile; ⁵Comité de Ética y Bioética, Sociedad de Biología de Chile.

Los eventuales conflictos de interés derivados del legítimo financiamiento estatal o privado de la investigación en el ámbito científico biológico y biomédico han suscitado controversias en diferentes países por las connotaciones éticas derivadas de ellos. En Chile la comunidad científica se ve, cada vez más involucrada en estos conflictos, especialmente en los que atañen al ecosistema y a la investigación en seres humanos y animales. Casos particulares han tenido un gran impacto mediático no solo a nivel de la comunidad científica, sino que a nivel de toda sociedad. Las repercusiones éticas de estas situaciones son muy importantes, por lo que la Sociedad de Biología de Chile ha optado por realizar un debate abierto sobre el tema.

En este taller se debatirá acerca de las implicancias éticas que suscita los eventuales conflictos de interés derivados de financiamiento privado de investigación científica biológica y biomédica en Chile. Conoceremos la visión desde el mundo privado y público. Y conoceremos acerca de los primeros intentos por regular esta situación por parte de algunas sociedades científicas o colegios profesionales chilenos.

INCORPORACIONES

A circular logo with the letters 'BR' inside, rendered in a stylized, bold font. The logo is positioned in the lower right quadrant of the page, partially overlapping a curved, light-colored band that sweeps across the bottom half of the cover. The background of the entire page is a light, textured pattern of small, irregular shapes, possibly representing a microscopic view or a dense network of fibers.

INCORPORACIONES I

EVIDENCE FOR A FUNCTIONAL QUORUM SENSING TYPE AI-1 SYSTEM IN THE EXTREMOPHILIC BACTERIUM

ACIDITHIOBACILLUS FERROOXIDANS. Carolina Farah¹, Mario Vera¹, Danièle Morin², Dominique Haras², Carlos A. Jerez¹ and **Guiliani, N.¹**, Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile; ², Laboratoire de Biologie et Chimie Marines (EA 3884), Université de Bretagne-Sud, Lorient, France.

Acidithiobacillus ferrooxidans is one of the main acidophilic chemolithotrophic bacteria involved in the bioleaching of metal sulfide ores. The bacterium-mineral interaction requires the development of biofilms whose formation is regulated in many microorganisms by quorum sensing of type AI-1. Here, we report the existence and characterization of a functional type AI-1 quorum sensing system in *A. ferrooxidans*. This microorganism produced mainly acyl-homoserine lactones (AHL) with medium and large acyl-chains and different C3 substitutions: 3-hydroxy-C8-AHL, 3-hydroxy-C10-AHL, C12-AHL, 3-oxo-C12-AHL, 3-hydroxy-C12-AHL, C14-AHL, 3-oxo-C14-AHL, 3-hydroxy-C14-AHL and 3-hydroxy-C16-AHL. A quorum sensing genetic locus including two open reading frames, *afeI* and *afeR* with opposite orientations and coding for proteins with high similarities to members of the acyl-synthase (I) and transcriptional regulator (R) protein families, respectively, was identified. Overexpression of *AfeI* in *E. coli* and the associated synthesis of AHLs confirmed it as an AHL synthase. As determined by RT-PCR, *afeI* and *afeR* genes were transcribed in *A. ferrooxidans*. The transcription levels of *afeI* gene were higher in cells grown in sulfur and thiosulfate media than in iron-grown cells. Phosphate starvation induced an increase of the transcription levels of *afeI* which correlated with an increase in AHL levels. Two *afe* boxes which could correspond to the *AfeR* binding sites were identified upstream of the *afeI* gene. This is the first report of a functional quorum sensing type AI-1 system in an acidophilic chemolithotrophic microorganism and it opens a very interesting opportunity to explore the control and regulation of biofilm formation during the bioleaching process.

Financiamiento: Proyectos FONDECYT 1040676; Fundación Andes; DID I-02/4-2.

OPERÓN TIPO-COP: ESTRUCTURA Y ORGANIZACIÓN EN ESPECIES DEL ORDEN *Lactobacillales*. (Cop-like operon: Structure and organization in species of the *Lactobacillales* order). Reyes A.[#], Retdland.N.[#], Figueroa.G.^{*}, González.M.[#]. ^{*}Laboratorio de microbiología, [#]Laboratorio de Expresión Génica y Bioinformática, INTA-Universidad de Chile.

En procariontes, el operón cop de *Enterococcus hirae* constituye el mecanismo de homeostasis de Cu mejor caracterizado. Sin embargo el contexto genómico del operón es desconocido. En este trabajo se rastreó el operón cop en bacterias con genoma anotado, con al menos 2 ortólogos (>40% identidad) del operón separados por menos de 50 bp. Las ocho especies que mejor satisfacen estos criterios, corresponden a 14 cepas del orden *Lactobacillales*. Todas contenían el regulador transcripcional (CopY), su sitio de unión en la región promotora del operón y una ATPasa transportadora de Cu (CopA). Esto sugiere que el operón cop proviene de un ancestro común y que su función es conservada en las especies del orden. Este estudio describe la estructura y organización del operón cop y discute una hipótesis filogenética basada en las diferencias observadas en la organización del operón y su regulación. Además, considerando que, *E. faecalis* es la especie filogenéticamente más cercana a *E. hirae*, fue elegida para evaluar qué otros elementos codificados en el genoma complementan la función del operón cop. Utilizando un algoritmo de búsqueda basado en (PHI-Blast/Blastp) hemos identificado otras 9 proteínas candidatas a participar en la homeostasis de Cu en esta especie. Las curvas de proliferación y la respuesta a concentraciones crecientes de CuSO₄ de *E. faecalis* y *E. hirae*, son similares, donde el tiempo de generación fue de 32min y la CMI-Cu de 2mM. La toxicidad por Cu fue mediada principalmente por Cu(I). Fondecyt N° 1030618

IMPORTACIÓN COOPERATIVA DE LA MICROCIINA E492 POR LOS RECEPTORES FEP A, FIU Y CIR Y SU INHIBICIÓN POR EL SIDEROFORO ENTEROQUELINA Y SUS PRODUCTOS DE HIDRÓLISIS DIMÉRICOS Y TRIMÉRICOS. (Cooperative uptake of microcin E492 by receptors FepA, Fiu and Cir and inhibition by the siderophore enterochelin and its dimeric and trimeric hydrolysis products). **Strahsburger, E.**, Lagos, R. Universidad Nacional Andrés Bello, Universidad de Chile.

La microcina E492 es una bacteriocina formadora de poro producida por *Klebsiella pneumoniae* RYC492. La microcina utiliza las proteínas de membrana externa FepA, Fiu y Cir, los cuales son receptores de la forma férrica de enteroquelina y de sus productos de hidrólisis en su forma monomérica, dimérica y trimérica lineal. Esta vía depende del sistema transductor de energía TonB, el cual estimula la apertura de los receptores permitiendo el paso de la enteroquelina férrica a través del canal. La enteroquelina es un antagonista de la actividad de la microcina E492, mientras que su forma férrica no tiene dicha actividad. Nuestro objetivo fue determinar la contribución de estos tres receptores en la importación de microcina E492 y la posible actividad antagonista de los productos de hidrólisis de la enteroquelina. El presente trabajo muestra una importación cooperativa por estos tres receptores, siendo FepA el principal receptor, seguido por los receptores Fiu y Cir. Ninguna interacción TonB-receptor fue necesaria para que la microcina E492 ejerciera su acción a nivel de la membrana citoplasmática. Además se identificó a la forma dimérica y trimérica lineal como antagonistas de la microcina E492.

LA PROTEÍNA DE INMUNIDAD MCEB EJERCE SU ACCIÓN PROTECTORA CONTRA LA MICROCIINA E492 POR MEDIO DE UNA INTERACCIÓN CON TONB. (The immunity mechanism of MceB against microcin E492 involves an interaction with TonB). **Baeza, M¹.**, Monasterio O.² y Lagos R.². 1, Depto. de Cs. Ecológicas y 2, Depto. de Biología. - Fac. de Ciencias, Universidad de Chile.

La microcina E492 ejerce su acción bactericida mediante la formación de canales iónicos en la membrana interna de bacterias de la familia *Enterobacteriaceae*. Para alcanzar su blanco de acción requiere de TonB, una proteína periplasmática anclada a la membrana interna y que interacciona con proteínas de la membrana externa para importe de nutrientes en bacterias gram negativas. Las células productoras de microcina se protegen de su efecto tóxico mediante la síntesis de la proteína integral de membrana MceB (inmunidad). En este trabajo se estudió el mecanismo de acción de MceB y su posible interacción con TonB, mediante experimentos genéticos de compensación de mutaciones puntuales. Por medio de mutagénesis al azar se obtuvieron mutantes puntuales de MceB que pierden su acción protectora (imm⁻) y posteriormente mediante la misma metodología se buscaron mutantes de TonB que compensaran este fenotipo imm⁻. La caracterización molecular reveló que cambios puntuales y conservados (AÆV) en las hélices transmembrana I o III de MceB reducen fuertemente su acción protectora. Por otro lado, se encontraron dos tipos de mutantes compensatorias en *tonB*, que llevarían a la síntesis de proteínas truncas y otra que tendría el cambio puntual TonBS16L. Estas mutantes son sensibles a la microcina E492, pero presentarían deficiencias en su interacción normal con proteínas de membrana interna y/o externa. Nuestros resultados nos permiten concluir que solo la región N-terminal de TonB es necesaria para la acción de la microcina E492 y que MceB cumple su acción protectora mediante una interacción con la región transmembrana de TonB.

Financiado por Proyecto FONDECYT 2990028 y 1020757.

INCORPORACIONES II

MORFOMETRÍA TRADICIONAL Y GEOMÉTRICA EN LAS CONCHAS DE UN CARACOL INTERMAREAL (Traditional and geometric morphometrics on the intertidal snail shells) **Sepúlveda, R.D.**¹, Ibáñez, C.M.², Moreno, R.A.³ & Gallardo, C.A.¹
¹Universidad Austral de Chile, Valdivia. rogersepulveda@uach.cl ²Universidad Católica de Concepción; ³Pontificia Universidad Católica de Chile.

Acanthina monodon es un gastrópodo intermareal que presenta gran polimorfismo en sus conchas, variando en forma, color y grosor. Su distribución abarca desde Coquimbo al Cabo de Hornos en la costa de Chile. El objetivo del presente trabajo fue determinar la variabilidad morfológica de las conchas en un gradiente latitudinal, a partir de dos aproximaciones: morfometría tradicional (AT) y geométrica (AG). Los ejemplares fueron recolectados en 13 localidades entre las latitudes 30° y 54°S. El AT fue realizado en 392 ejemplares con cinco variables estandarizadas por la longitud peristomial. El AG fue realizado en 195 fotografías de conchas con el programa TPS. Diez hitos homólogos fueron digitalizados sobre cada fotografía. Ambos análisis mostraron resultados similares: en el AT, altura de espira y grosor de labio fueron las variables más importantes en determinar la variabilidad morfológica, mientras que el AG lo fueron los hitos relacionados al canal sifonal y grosor del labio. Las dos aproximaciones mostraron una zona de mezcla (ca. 41°S) de morfotipos de conchas del sur y norte a esta latitud. Se propone que la variación de las conchas entre poblaciones es causada por un mecanismo de acción conjunta entre factores físicos y biológicos, que actúan a diferentes escalas, produciendo eco-fenotipos adaptados a condiciones locales muy particulares.

¿INGENIEROS ECOSISTÉMICOS QUE COMPARTEN CARACTERÍSTICAS COMUNES TIENEN EFECTOS GENERALIZADOS O IDIOSINCRÁSICOS SOBRE LA DIVERSIDAD DE ESPECIES? (Do ecosystem engineers sharing common features have generalized or idiosyncratic effects on species diversity?) **Badano, E.I.**, & Cavieres, L.A. ECOBIOSIS, Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, U. de Concepción.

Los ingenieros ecosistémicos (especies que crean o destruyen hábitat) pueden alterar la riqueza y la equidad de especies en las comunidades, pero aun no se ha evaluado si estos efectos repercuten en la diversidad de especies o si constituyen un fenómeno generalizado entre especies ingenieras que comparten características comunes. Este estudio evalúa los efectos de ocho especies de plantas en cojín sobre la riqueza, diversidad y equidad de plantas vasculares en cuatro sitios alto-andinos. Se propuso que los cojines poseen efectos generalizados si todas las especies controlan la diversidad mediante sus efectos sobre la riqueza, la equidad o ambas. En cambio, sus efectos serían idiosincrásicos si algunas especies controlan la diversidad mediante sus efectos sobre la riqueza mientras otras lo hacen alterando la equidad. Los resultados indicaron que los cojines incrementan la riqueza, la diversidad (índice de Shannon-Wiener) y la equidad de especies en todos los sitios; también indicaron que diferentes especies en cojín presentes en un mismo sitio controlan la diversidad de manera similar, pero cojines de diferentes sitios lo hacen de manera distinta. Esto sugiere que los efectos de las plantas en cojín sobre la diversidad son generalizados dentro de un mismo sitio, pero idiosincrásicos entre sitios.

FONDECYT 1030821

INSPECCIÓN VISUAL DE DEPREDADORES EN EL PEZ INTERMAREAL *AUCHENINCHUS MICROCIRRHIS*. LA VISIÓN Y EL TAMAÑO CORPORAL COMO FACTORES MODULARES DE LA CONDUCTA. Visual inspection of predators in the intertidal fish *Aucheninichus microcirrhis*. The vision and the body size as regulating factors of behaviour. **Rojas J. M B** & Ojeda F. P. Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. Casilla 114-D, Santiago, Chile. jmrojas@bio.puc.cl

En un importante número de especies dulceacuícolas se ha descrito la ocurrencia de una aproximación de los peces presas a sus depredadores piscívoros como una estrategia de evaluación visual del riesgo de depredación. En peces marinos esta conducta no ha sido descrita. Observaciones preliminares en el pez intermareal *Aucheninichus microcirrhis* muestran un patrón conductual similar al descrito en especies dulceacuícolas. Para esta especie ha sido señalada una sensibilidad fótica espectral entre los 350 a los 530 nm (UV- verde). Si consideramos sobre estos antecedentes que las características hidrodinámicas del sistema intermareal rocoso condicionan un ambiente lumínico inestable, con una preponderancia del rango espectral entre los 510 a 580 nm (verde-amarillo), y la ocurrencia en peces de una correlación positiva entre la capacidad resolutive del ojo y el tamaño corporal, podríamos establecer un escenario visualmente complejo para la evaluación del riesgo de depredación por piscivoría. En este trabajo se realizaron estudios de laboratorio bajo condiciones lumínicas controladas, con el objetivo de documentar y describir la conducta de inspección visual de depredadores en *A. microcirrhis*, y los elementos involucrados en la modulación de las decisiones ligadas a su despliegue. Los resultados señalan que individuos de pequeño tamaño corporal se conducirían con mayor cautela que los de mayor tamaño en condiciones fóticas óptimas durante un evento de inspección. Situación opuesta fue registrada bajo condiciones lumínicas adversas, probablemente asociadas a una mayor capacidad resolutive. No obstante, todos los individuos invirtieron un tiempo significativamente mayor en inspección bajo esta última condición ambiental. Estos resultados, aparentemente están relacionados con un compromiso entre el riesgo de depredación durante la inspección y la calidad de la información a adquirir, donde el riesgo de depredación estaría definido por la susceptibilidad a la depredación asociada con el tamaño corporal del individuo.

INCORPORACIONES III

RECONSTRUCCIÓN DE PROTEÍNAS ANCESTRALES: APLICACIÓN EN PROTEÍNAS FLUORESCENTES DE CORALES. (Reconstruction of ancestral proteins: Application in coral fluorescent proteins). **Ugalde J.A.**¹, Chang, B.S.W², Matz, M.V.³ 1.Laboratorio de Bioinformática y Matemática del Genoma, CMM-Universidad de Chile. 2.Whitney Laboratory, University of Florida. 3.Department of Zoology, University of Toronto. Socio Patrocinante: Dr. Tito Ureta

Los homólogos de la proteína fluorescente verde (GFP) representan un tipo particular de pigmentos en donde el color esta determinado exclusivamente por la secuencia aminoacídica de la proteína y los grupos catalíticos para la biosíntesis del cromóforo son parte de la misma. Para la formación de un cromóforo verde se requieren dos etapas autocatalíticas, mientras que el rojo requiere de tres etapas, indicando un mayor grado de complejidad de este último. Análisis filogenéticos de estas proteínas evidencian múltiples eventos de aparición del color rojo en la historia evolutiva, sugiriendo una evolución convergente de la complejidad a nivel molecular. Una hipótesis alternativa, que es apoyada por resultados de mutagénesis en estas proteínas, sería un único origen para la forma roja, y en donde la forma verde surge posteriormente a través de un proceso "degenerativo". Para estudiar este proceso evolutivo, a partir de secuencias provenientes de *Montastraea cavernosa* ("coral gran estrella"), se infirieron las secuencias de las proteínas ancestrales para un grupo de estas proteínas. Estas se sintetizaron, y se midieron sus propiedades espectroscópicas, reconstruyendo de esta forma el camino evolutivo de la diversificación del color, demostrando que ocurre desde una forma menos compleja (verde), hacia una forma más compleja (roja) a través de pasos intermedios en los cuales ambos colores se encuentran presentes. NIH R01-GM66243, Grass Foundation (Latin American Exchange Program).

TEORÍA CINÉTICA PARA ENZIMAS DE VÍAS DE SEÑALAMIENTO LIPÍDICO EN MEMBRANAS CON REORDENAMIENTO DE SUSTRATO. (Kinetic Theory for Enzymes of Lipid Signaling Pathways in Membranes with Substrate Reordering)

Salinas, D.¹; De La Fuente, M.²; Reyes, J.³

¹Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Diego Portales; ²Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile; ³Instituto de Química, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Se conocen numerosos experimentos en los cuales la adición de algunas moléculas permite reagrupar los fosfolípidos de membrana. Esta reagrupación puede alterar la actividad de aquellas enzimas que actúan sobre dichos fosfolípidos, tal como la PLC, implicada en una de las principales vías de señalamiento lipídico. Hasta ahora, las interpretaciones de estos resultados habían sido, en muchos casos, contradictorias. Para explicar estos resultados, este trabajo presenta una generalización de la teoría cinética de enzimas lipolíticas actuando en membranas con distribución homogénea del sustrato fosfolipídico a aquellos casos en los que dicho sustrato se ha reordenado en dominios. Las derivaciones de esta teoría permiten explicar los aspectos cualitativos de los efectos de la inducción de dominios fosfolipídicos en la actividad de enzimas lipolíticas. Además, se sugiere cómo el uso de esta teoría facilitaría la investigación de los distintos modelos cinéticos de las enzimas lipolíticas (Proyectos FONDECYT 2990111 y FONDECYT 1000691).

REGULACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE RUTAS DE DEGRADACIÓN EN *PSEUDOMONAS*. (Regulation of catabolic pathway in *Pseudomonas*)

Dinamarca, M., A.^{1,2}, Rojo, F.². ¹ Laboratorio de Biotecnología Microbiana, Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso, Chile. Avenida Gran Bretaña 1093, Valparaíso. ² Departamento de Biotecnología Microbiana, Centro Nacional de Biotecnología, CSIC, Madrid, España.
e-mail autor: alejandro.dinamarca@uv.cl
Patrocinio: Dr. Michael Seeger Pfeiffer.

El género *Pseudomonas* se caracteriza por tener una gran versatilidad metabólica en la que se destaca su capacidad de usar como sustratos de crecimiento compuestos xenobióticos. No obstante, muchas especies de este género cuando se ven expuestas a una mezcla de fuentes de carbono, asimilan de manera jerarquizada los diferentes compuestos, sometiendo a represión la ruta de degradación del sustrato no preferido. Actualmente, este mecanismo es conocido como "Control Fisiológico" y modula la expresión génica de diferentes rutas catabólicas, conectando su expresión a la fisiología y ecología del microorganismo (1). Entre los elementos que participan en la regulación por control fisiológico están: factores de transcripción (s^N , s^S , s^H), reguladores globales (Crc, Ftsh) y sistemas generadores de señales metabólicas (Cyo ubiquinol oxidasa). Por su parte, entre las señales involucradas están: represión catabólica, carencia de nutrientes y velocidad y fase de crecimiento microbiano. Entre las rutas conocidas que integran este tipo de mecanismo está la ruta *alk* de *Pseudomonas putida* GP01. Finalmente, la regulación por control fisiológico permite además comprender rutas de degradación, nuevas y poco estudiadas, que asimilan compuestos de reciente aparición en la naturaleza.

1. Rojo, F., and M. A. Dinamarca. 2004. Catabolite Repression and Physiological Control, Vol II. Virulence and Gene Regulation. Kluwer Academic Publishers, New York.

Financiamiento: BIO2000-0939 y AGL2001-1423. Ministerio Español de Ciencia y Tecnología. OLK3-CT2000-0170 Comisión Europea. MAD AEI, CONICYT-BID. FONDECYT 3050052.

UN VECTOR ADENOVIRAL PORTADOR DE UN GEN ANTISENTIDO CONTRA LA DESHIDROGENASA ALDEHÍDICA MITOCONDRIAL INVOCA EL FENOTIPO NO BEBEDOR DE ASIÁTICOS (Adenoviral vector carrying a mitochondrial aldehyde dehydrogenase antisense gene mimicks the Asian non-drinking phenotype) **Karahanian, E.¹**; Ocaranza, P.²; Israel Y.² ¹Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Diego Portales y ²Laboratorio de Farmacoterapia Génica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

Los individuos de origen asiático que poseen una mutación inactivante en el gen de la aldehído deshidrogenasa mitocondrial (*ALDH2*) poseen una capacidad reducida para metabolizar acetaldehído un metabolito del etanol. Esta deficiencia produce un aumento en los niveles de acetaldehído sanguíneo cuando los sujetos beben alcohol, lo que produce una aversión a su consumo y a una marcada protección contra el alcoholismo. El objetivo de nuestros estudios es imitar este fenotipo de baja actividad ALDH2 y altos niveles de acetaldehído mediante la inhibición de la expresión del gen *ALDH2* *in vitro* e *in vivo*. Para ello, construimos un adenovirus recombinante portador de un gen antisentido contra *ALDH2*. En estudios *in vitro*, la administración de este vector adenoviral a células de hepatoma de rata produjo una disminución de 65 % en la actividad ALDH2 y un notable aumento en los niveles de acetaldehído acumulado cuando estas células metabolizan etanol. En estudios *in vivo* –ver trabajo de Ocaranza y col. en este Congreso- se administraron los adenovirus portadores del gen antisentido a ratas bebedoras UChB (Facultad de Medicina, Univ. de Chile). Se observó una importante disminución en el consumo de alcohol, inhibición que fue duradera.

Financiamiento FONDECYT 1040555.

INCORPORACIONES IV

PHYLOGENETIC INFERENCES ON CABERNET SAUVIGNON GEOGRAPHICAL DISPERSAL TRACED WITH POLYMORPHIC MICROSATELLITE LOCI. Inferencias filogenéticas de la dispersión geográfica del cv. Cabernet Sauvignon obtenidas a partir de loci polimórficos de microsátélites. **Moncada,^a X.^c**, Frédérique Pelsy^b, Didier Merdinoglu^b, Patricio Hinrichsen^{a*}

^aLaboratorio de Biotecnología, Centro de Investigación La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, Chile. PO Box 439-3, Santiago, Chile

^bLaboratoire de Génétique et d'Amélioration des Plantes, Institut National de la Recherche Agronomique, INRA-Colmar, France. BP 507, 28 rue de Herrlisheim, F-68021, Colmar Cedex, France. ^cPresent Address: Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas, Universidad de La Serena, Benavente 980, Casilla 599, La Serena, Chile.

Genetic diversity of the grapevine cv. Cabernet Sauvignon (*Vitis vinifera* L.) was analyzed using 84 microsatellite markers. Fifty nine clonal samples obtained from seven countries (Chile, France, Spain, Australia, Hungary, USA and Italy) were considered in order to detect the distribution and amount of accumulated somatic mutations. The presence of chimeric clones was evidenced by the comparison of triallelic loci with the reference genotype obtained at each locus by simultaneous microsatellite analysis of the parents Cabernet franc and Sauvignon blanc. A segregation analysis of descendants by self-pollination of a Chilean clone showed a mutation in the L2 cell layer for the polymorphic locus VMC5g7. Eighteen polymorphic microsatellite loci (21.4%) were detected, but because most of them were unique to one or a few genotypes (except VMC5g7 and VMC9a2-1), a genetic similarity of over 98% was estimated finding 22 different genotypes in the population analyzed. Only two clones (obtained from France and Australia) showed the ancestral genotype and the most divergent one was shown by a French clone, with five somatic mutation events. Both antecedents enabled the tracing of geographical dispersal with a phylogenetic proposal supporting France as the center of origin of diversification and dispersal of Cabernet Sauvignon.

SISTEMÁTICA MOLECULAR Y FILOGEOGRAFÍA DE CAMÉLIDOS SUDAMERICANOS: IMPLICANCIAS PARA SU CONSERVACIÓN Y MANEJO. Marín, J.C.¹⁻⁴, Spotorno, A.¹, Gonzalez, B.², Bonacic, C.², Wheeler, J.³, Poulin, E.⁴ y Palma, E.⁵, ¹Programa de Genética Humana, ICBM, Universidad de Chile., ²Facultad de Agronomía, PUC, ³CONOPA, ⁴Laboratorio de Ecología Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, ⁵Departamento de Ecología, PUC.

Las vicuñas y los guanacos son los herbívoros nativos silvestres más importantes de América del Sur y los ungulados dominantes en una fauna rica en roedores pero pobre en grandes mamíferos. Conocer su historia evolutiva, así como el proceso de domesticación del que fueron objeto, no es solo importante para el grupo, sino útil para comprender el proceso histórico por el cual atravesó la fauna que llegó a Sudamérica durante el gran intercambio.

Con el uso de la secuencia completa del gen para citocromo *b* y la secuencia parcial de la Región Control del DNA mitocondrial, evaluamos las relaciones de parentesco de la Familia Camelidae, la filogeografía y diferenciación subspecífica de guanacos y vicuñas.

Los análisis filogenéticos realizados mostraron que *Vicugna vicugna* es taxon hermano de *Lama guanicoe* siendo ambos grupos recíprocamente monofiléticos. El análisis de las secuencias de ambos genes mostró dos clados entre las vicuñas. Sin embargo, los resultados obtenidos del análisis de poblaciones de guanacos no reflejó las cuatro subespecies propuestas, aunque se detectó la diferenciación de las poblaciones de *L. g. cacsilensis* respecto del resto de los guanacos.

Beca de Apoyo a Tesis Doctoral, CONICYT y Proyecto Post-Doctoral FONDECYT N° 3050046.

CORRELACIONES FISIOLÓGICAS DE LA DESAPARICIÓN DE UNA POBLACIÓN DEL CISNE DE CUELLO NEGRO (*CYGNUS MELANOCORYPHUS*) EN UN ÁREA PRIORITARIA PARA LA CONSERVACIÓN. (Physiological correlates of a population crash of the black-necked swan (*Cygnus melanocoryphus*) in a conservation priority area) ¹Artacho, P., ¹Castañeda L.E., ²Soto-Gamboa M., ³Verdugo C.M. & ¹Nespolo R.F. ¹Instituto de Ecología y Evolución, ²Instituto de Zoología, ³Centro de Fauna Silvestre, Universidad Austral de Chile.

Los parámetros bioquímicos sanguíneos son herramientas útiles para evaluar el estado nutricional y fisiológico de vertebrados silvestres. Con este objetivo se analizaron parámetros bioquímicos en una población del cisne de cuello negro perteneciente al Santuario Carlos Anwandter, Río Cruces, Chile. Esta población se redujo en un 95% durante el año 2004, debido a que la reciente contaminación del río produjo la disminución de su principal alimento. Entre Agosto y Diciembre, se obtuvieron muestras de sangre de 119 animales adultos en el Santuario. La sangre se transfirió a tubos con anticoagulante, y en el laboratorio se determinaron 12 variables bioquímicas. Como control se utilizaron datos adquiridos el 2003 en el mismo lugar.

Los resultados muestran que la condición corporal decreció cerca de 30% con respecto al año 2003. El ácido úrico y triglicéridos disminuyeron durante el año, mientras que proteínas totales, globulinas, urea, creatinina y b-hidroxibutirato incrementaron.

Los resultados sugieren que esta población de aves presentó desnutrición, alcanzando el estado I del modelo de ayuno clásico, lo cual anuló la reproducción, incrementó la mortalidad e indujo la emigración.

Agradecimientos: SAG, CONAF, FONDECYT, MECESUP and CONICYT

RESPUESTAS DE TOLERANCIA A COBRE EN MACROALGAS (Tolerance responses to copper in seaweed). **Contreras, L.** Departamento de Ecología & Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity, PUC. FONDAF 1501 0001, Programa N° 7.

La actividad minera ha ocasionado efectos negativos sobre los ecosistemas marinos costeros en el norte de Chile (Chañaral, III Región). Aunque se han realizado cambios para mejorar la calidad de las descargas mineras, aun persisten altos niveles de cobre en las aguas costeras del sector afectado, los cuales podrían ser responsable de la ausencia de numerosas especies en las áreas impactadas. En la zona intermareal impactada el ensamble de macroalgas está constituido por tres especies, con dominancia de *Scytosiphon lomentaria* (Phaeophyceae) y está ausente de especies estructuradoras como *Lessonia nigrescens* (Phaeophyceae). En este contexto, se postula que la presencia de macroalgas en los sitios impactados se debe a su capacidad de atenuar el estrés generado por los altos niveles de cobre. Este estudio demostró que el cobre genera en *S. lomentaria* y en *L. nigrescens* estrés oxidativo. *S. lomentaria* activa mecanismos de tolerancia que involucran el consumo de compuestos antioxidantes, activación de enzimas antioxidantes y un aumento en los transcritos de genes de tolerancia. En *L. nigrescens* se observó daño a nivel celular, inactivación de enzimas antioxidantes y disminución en los transcritos de genes de tolerancia. La capacidad diferencial que presentan estas macroalgas para responder al estrés generado por cobre ayuda a explicar la persistencia de *S. lomentaria* y la ausencia de *L. nigrescens* en sitios aledaños a Chañaral.

COMUNICACIONES

Orales

BR

ECOLOGÍA EVOLUTIVA

DIVERSIDAD CITOGENÉTICA: SU SIGNIFICANCIA EVOLUTIVA Y EN LA CONSERVACIÓN; EL CASO DE LA RANA CHILENA *BATRACHYLA ANTARTANDICA* (Leptodactylidae) (Cytogenetic diversity: its significance in evolution and conservation. The case of the Chilean frog *Batrachyla antartandica*). Cuevas P. C. C., Estudiante Doctorado en Ciencias, Mc. Sistemática y Ecología, Instituto de Zoología, Casilla 567, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. E-mail: ccuevas@uach.cl.

Durante un estudio preliminar desarrollado en la rana Sud Americana *Batrachyla antartandica*, se detectó una importante diversidad citogenética en tres poblaciones provenientes de la zona Sur de Chile. En este trabajo se presentan resultados de 5 localidades adicionales tomadas del área de distribución de esta especie. El análisis cromosómico realizado, reveló diferencias en la localización de las constricciones secundarias, regiones organizadoras del nucléolo en las ocho poblaciones estudiadas, a pesar de presentar todas ellas el mismo número diploide y número fundamental de brazos. Esta información es asumida como una evidencia valiosa en el contexto de evaluar una nueva aproximación a la conservación del patrimonio genéticos de esta especie, considerando que la conservación de la diversidad genética dentro de una especie es un desafío mayor, y uno de los tres niveles priorizados por la IUCN. Adicionalmente se proponen algunas hipótesis para explicar la significancia evolutiva y el valor de las Ag-NOR y los patrones de bandeo-C como marcadores a nivel específico. Resultados Unidad Investigación Beca CONICYT

DIVERGENCIA GENÉTICA ENTRE EQUINODERMOS ANTÁRTICOS Y CONTINENTALES DEL GÉNERO *Sterechinus*

(Genetic divergence between Antarctic and continental echinoids of the genus *Sterechinus*) Díaz, A.¹, Palma A.^{2,3} & Poulin E.^{1,3}

¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Las Palmeras 357, Casilla 653 Santiago. ²Departamento de Ecología Pontificia Universidad Católica de Chile. Casilla 114-D. Santiago, Chile. ³ Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity, P. Universidad Católica de Chile

El continente antártico presenta una gran diversidad de invertebrados marinos bentónicos, caracterizados por altos niveles de endemismo. De este escenario surgen interrogantes acerca de cuál ha sido el mecanismo que ha dado origen a la fauna marina, problemática que ha sido ampliamente debatida, pero sin una clara respuesta aún. La especiación por vicarianza ha sido planteada como una posible hipótesis para la existencia de especies congéneres en ambos continentes, generada por la separación de placas durante el Mioceno.

El género *Sterechinus* representa a erizos regulares de capacidad dispersiva (larva planctotrófica), que posee especies en el continente antártico y en las costas de Argentina, lo que hace que sea un buen modelo para abordar la interrogante anterior. Del análisis de la región COI del mtDNA, de individuos de ambos lugares, se compara la diversidad molecular y se infiere el tiempo de divergencia entre las especies. Nuestros resultados indican que ambas poblaciones están en una fase de expansión reciente y que su tiempo de divergencia sería mucho más próximo al presente, probablemente relacionado al comienzo del pleistoceno.

Agradecimientos: Proyecto Antártico y CASEB

EFFECTO DE LA CALIDAD DE LA DIETA SOBRE RASGOS FISIOLÓGICOS Y DE HISTORIA DE VIDA EN *PACHYLOIDELLUS FULVIGRANULATUS*

(Effect of diet quality on physiological and life history traits in *Pachyloidellus fulvigranulatus*) Naya, D. E.¹, Lardies, M. A.², Bozinovic, F.¹

¹CASEB Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

²Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Santo Tomás, Chile.

En el presente trabajo se analiza el efecto, a largo plazo, de la calidad de la dieta sobre rasgos fisiológicos y de historia de vida en el opilión *Pachyloidellus fulvigranulatus*. Se usó una dieta con alto contenido de proteínas y otra rica en hidratos de carbono, cuantificándose, después de cinco meses de aclimatación, la tasa metabólica estándar, el cambio en la condición corporal y la fecundidad. Los datos indican que los animales que consumieron la dieta rica en proteínas presentaron tasas metabólicas más altas, mejor condición corporal y mayor fecundidad que los animales alimentados con la dieta rica en carbohidratos. Un análisis de vías sugiere que cuando la calidad de la dieta es alta los animales incrementan la masa visceral, la cual si bien determina un mayor costo de mantenimiento, permite la síntesis de huevos. Por el contrario, una dieta rica en carbohidratos no permite una inversión reproductiva importante, aunque sí la supervivencia por un largo período de tiempo. En suma, los animales bajo estudio parecen adoptar distintas estrategias de acuerdo a la calidad de la dieta disponible, mediante ajustes fenotípicos a niveles fisiológico, morfológico y de historia de vida.

Agradecimientos: CASEB (Programa 1) y CONICYT.

UNA APROXIMACIÓN BAYESIANA PARA EVALUAR LA INCERTIDUMBRE FILOGENÉTICA EN LA BIOGEOGRAFÍA HISTÓRICA Y EL TAMAÑO CORPORAL ANCESTRAL DEL GÉNERO *Oligoryzomys* (RODENTIA: SIGMODONTINAE) (A Bayesian approach to assess phylogenetic uncertainty in the historical biogeography and ancestral body-size of the genus *Oligoryzomys* (Rodentia: Sigmodontinae)) **Hernández, C. E.**^{1,2}, **Rodríguez-Serrano, E.**¹, **Boric, D.**¹ & **Palma, R. E.**¹ 1-CASEB, P. Universidad Católica de Chile, Casilla 114-D-Santiago. 2-Laboratorio de Diversidad Molecular y Filoinformática, Departamento de Zoología, Universidad de Concepción, Casilla 160-C-Concepción.

Existe un considerable debate en cuanto a los procesos evolutivos que originaron los patrones de distribución y biodiversidad del género *Oligoryzomys* en Sudamérica. Se ha sugerido que la diversificación de éste género ocurrió desde el extremo Norte de Sudamérica, con una posterior dispersión y radiación hacia el Sur, representando un grupo basal dentro de los Sigmodontinos. En este estudio se usó una aproximación Bayesiana filogenética molecular (Secuencias del gen Citocromo-b) para evaluar la hipótesis: “el antepasado del género *Oligoryzomys* tiene mayor probabilidad de ser localizado en los Andes del Norte, apoyando el origen Norteamericano de Sigmodontinae en Sudamérica”. Los resultados no sustentan la hipótesis planteada y sugieren que este género se habría originado con mayor probabilidad en el extremo Austral de Sudamérica, desde altitudes medias-bajas, y ancestros de tamaño corporal grande. La posterior radiación habría ocurrido hacia el Norte, primero con una gran diversificación en el área Centro y Este de Sudamérica, y luego hacia el extremo Noroeste de Sudamérica. Estos resultados, junto con una tendencia a la miniaturización de los tamaños corporales, sugieren un nuevo escenario histórico de *Oligoryzomys* en Sudamérica. Agradecimientos: FONDECYT-3050092, 1030488; FONDECYT-CASEB-1501-0001

MORFOLOGÍA Y EVOLUCIÓN DEL CLADO ANDINO (RODENTIA; SIGMODONTINAE). (Morphology and Evolution of the Andean Clade (Rodentia: Sigmodontinae). **Rodríguez-Serrano**¹, **E.** & **Hernández**^{1,3}, **C. Palma**^{1,2} **R. E.** ¹Laboratorio de Biología Evolutiva, Facultad de Ciencias Biológicas, P. U. C. ²CASEB, P. Universidad Católica de Chile, Casilla 114-D-Santiago. ³Laboratorio de Diversidad Molecular y Filoinformática, Departamento de Zoología, Universidad de Concepción, Casilla 160-C-Concepción.

El Clado Andino aparece como resultado de los recientes estudios filogenéticos moleculares de Sigmodontinae. Su particularidad radica en su distribución geográfica y en sus adaptaciones ecomorfológicas, únicas dentro de la subfamilia. Se ha postulado que la adaptación fosorial en este grupo se sustenta en la dispersión desde los Andes Centrales hacia el Sur y la posterior colonización de nuevos ambientes. En este estudio utilizamos una aproximación filogenética molecular y biogeografía histórica para poner a prueba dicha hipótesis, determinando el momento en que aparece esta adaptación, y las áreas ancestrales donde se habrían originado los ancestros fosoriales. Los resultados indican una rápida aparición de dichas características en el Clado Andino, pero no a partir de procesos de dispersión, sino que debido a procesos vicariantes.

Agradecimientos FONDECYT 1030488, FONDECYT-FONDAP CASEB

MORFOMETRÍA PULMONAR DE AVES Y MAMÍFEROS CURSORIALES Y VOLADORES (Lung morphometry in cursorial and flying birds and mammals). **Figueroa D.**, Ricardo Olivares, Michel Salaberry, Pablo Sabat y Mauricio Canals. Departamento de Ciencias Ecológicas. Facultad de Ciencias. Universidad de Chile. Casilla 653. Santiago. Chile. e-mail: mcanals@uchile.cl. Departamento de Ciencias Biológicas Animales. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias.

Estudiamos los parámetros de difusión pulmonar en dos especies de aves: *Notoprocta perdicaria* y *Zenaida auriculata* (Perdiz y Tórtola); y en dos especies de mamíferos: *Phyllotis darwini* y *Myotis chiloensis* (Lauchón orejudo y murciélago orejas de ratón). Exploramos si los parámetros estructurales del pulmón de estas especies pueden estar asociados a su modo de locomoción: cursorial o volador.

La membrana alvéolo-capilar fue muy fina en todas las especies, a excepción de la perdiz que mostró una barrera gruesa, semejante a la que se encuentra en las Galliformes (lejanas filogenéticamente). La densidad de superficie respiratoria (superficie respiratoria/unidad de volumen pulmonar) fue significativamente mayor en la tórtola y el murciélago. Las estimaciones morfométricas de la capacidad de difusión de oxígeno, D_1O_2 , siguió el mismo patrón, con los valores más elevados en las especies voladoras. La menor conductancia se encontró en la perdiz. Las especies estudiadas muestran refinamientos en sus parámetros pulmonares asociados a sus modos de locomoción, independientemente de su origen filogenético (ave o mamífero). Como la barrera alvéolo-capilar fue fina en todas las especies a excepción de la perdiz, la diferencia en conductancia de oxígeno entre las especies buenas voladoras y *P. darwini* se encuentra sustentada en la gran densidad de superficie respiratoria de éstas. FONDECYT 1040649

VARIACIÓN GENÉTICA CUANTITATIVA EN EL METABOLISMO DEL GRILLO DE LAS DUNAS, *GRYLLUS FIRMUS*, INFERIDO POR ANÁLISIS DE LÍNEAS ENDOGÁMICAS (Quantitative genetic variation in metabolism of the sand cricket *Gryllus firmus*, inferred by inbred-line analysis). **Nespolo, RF**, Castañeda, LE & Roff, DA*.

Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile. *Department of Life Sciences, University of California, Riverside

La variación genética de rasgos metabólicos en animales es poco conocida comparada con rasgos morfológicos y de historia de vida, principalmente por la dificultad de mantener y medir grandes cantidades de individuos en el laboratorio, como exigen los estudios de pedigrís. Mediante respirometría de flujo continuo y determinación simultánea de actividad, determinamos el metabolismo de las ninfas de *G. firmus* provenientes de cuatro líneas endogámicas. La variación de estas líneas entrega una medida de la heredabilidad en sentido amplio. Además, como control se determinaron un número de variables morfológicas en estas líneas, tanto en adultos como en ninfas. Los resultados muestran que el metabolismo de *G. firmus* presenta variación significativa entre líneas en 4. 5%, 5. 2%, 10. 3% y 8. 5% en metabolismo promedio, de reposo, mínimo y máximo, respectivamente (determinado mediante MANOVA). La variación morfológica resultó ser significativa y del orden del 18%. Este estudio muestra que la tasa metabólica de insectos presenta variación heredable y por lo tanto potencialidad de respuesta a la selección, pero que hacen falta estudios más detallados para indicar qué porcentaje de esta varianza es debida a efectos genético-aditivos, maternos y de ambiente en común. Financiado por FONDECYT 3030032.

COMPARACIÓN MORFOMÉTRICA Y MOLECULAR ENTRE INDIVIDUOS DE *Bufo spinulosus* y *Bufo papillosus* (ANURA: BUFONIDAE). (Morphometric and molecular comparison among individuals of *B. spinulosus* and *B. papillosus* (Anura: Bufonidae). **Correa, C.**^{1,2}, Jimenez-Huidobro, P.^{1,2} & Méndez, M. A.^{1,2}

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

²Laboratorio de Bioinformática y Expresión Génica, INTA, Universidad de Chile

Bufo spinulosus Wiegmann 1835, presenta en Chile poblaciones en la Primera, Segunda Región (hasta el sur del Salar de Atacama) y en la Zona Central (Regiones Quinta y Metropolitana). Por otra parte, *Bufo papillosus* Philippi 1902, en un continuo de distribución, habita desde la Séptima hasta la Décima Región. Estudios sistemáticos previos han considerado a ambas entidades como especies válidas. En el presente trabajo se examina la existencia de ambas especies como linajes independientes utilizando caracteres morfológicos y moleculares.

Se analizó la variación morfológica en larvas y adultos de seis poblaciones mediante estadística multivariada. A nivel molecular se estudiaron 126 individuos (29 poblaciones), utilizando dos marcadores (RAPDs y secuencias D-Loop). Se estimó la variabilidad interpoblacional y los niveles de subestructuración genética. Con las secuencias D-Loop se determinaron las relaciones filogenéticas entre poblaciones. Se encontró una alta diferenciación interpoblacional a nivel morfológico y molecular, que mostró estar correlacionada con la distancia geográfica entre localidades, sugiriendo una marcada estructuración filogeográfica. Finalmente, nuestros análisis indican que para las poblaciones examinadas ambas entidades corresponden a un mismo linaje, adscribiendo a *B. papillosus* a un extremo de la variación geográfica de *B. spinulosus*.

DIVERSIDAD GENÉTICA DE PEQUEÑOS PECES PELÁGICOS DE LAS COSTAS DEL PACÍFICO ORIENTAL (Genetic diversity in pelagic fishes of the East Pacific) **Silva¹ A., Ojeda² F. P. y Poulin¹ E.**

¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Las Palmeras 357, Casilla 653 Santiago. ²Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. Alameda 340, Santiago

La distribución antitropical en el Pacífico-Este ha sido descrita para distintas especies de peces marinos, entre las cuales se cuentan las especies del género *Trachurus* representado en las costas chilenas por *T. murphyi*, y en las costas californianas por *T. simetricus*, género *Engraulis* representadas en las costas chilenas por *E. ringers* y en las costas californianas por *E. mordax*. Lo anterior plantea importantes preguntas sobre el origen y cronología de su divergencia transecuatorial. Estudiando la región control del mtDNA de las cuatro especies, se compararon la diversidad molecular y se infirió sus tiempos de divergencia transecuatorial. Nuestros resultados indican que existió un fenómeno de cuello de botella poblacional ancestral que afectó a los dos géneros en cuestión. Por otro lado, las mutaciones acumuladas entre *T. murphyi* y *T. simetricus* son menores que las de *E. ringers* y *E. mordax*, lo que indicaría (1) fechas de divergencia transecuatorial distintas o (2) tasas mutacionales diferentes. La estimación de tiempos de divergencia con criterios de coalescencia y reloj molecular, podría resolver dichas controversias. Agradecimientos: Fondecyt 1040785 y CASEB.

BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR

MUTAGÉNESIS SITIO-DIRIGIDA PERMITE IDENTIFICAR UNA REGIÓN ENDOFACIAL DEL TRANSPORTADOR GLUT1 REQUERIDA PARA SU SENSIBILIDAD FRENTE A CITOCALASINA B (Site-directed mutagenesis permits to identify a region on the GLUT1 transporter required for its sensitivity towards cytochalasin B). **Valenzuela X.**, Raddatz N., Pérez A, Bulnes P. y Reyes A. M.. Instituto de Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Casilla 567, Valdivia, Chile (areyes@uach.cl).

GLUT1 es el principal representante de las proteínas integrales de membrana que facilitan el transporte de hexosas en células animales. Aunque no requiere de la hidrólisis de ATP para su función, su secuencia contiene tres dominios con homología con sitios de unión de nucleótidos. Para probar la importancia de uno de estos dominios (residuos 332-338) para la funcionalidad del transportador, preparamos mutantes puntuales para los aminoácidos conservados en esta región y, luego de su expresión en ovocitos de *Xenopus*, las evaluamos cinéticamente mediante ensayos trans-cero de influjo, trans-cero de eflujo y ensayos de intercambio en equilibrio y de sensibilidad frente a inhibidores. Dos mutaciones T335L y H337N muestran una muy reducida respuesta frente a citocalasina B, un clásico inhibidor de GLUT1 que se une por la cara endofacial de la proteína. En contraste, la mutación L338T no afecta la interacción de citocalasina B con la proteína. Las mutantes no exhiben otras diferencias significativas en cuanto a afinidad por el sustrato, niveles de expresión o sensibilidad frente a otros inhibidores que se unen al transportador por su superficie exofacial. Debido a la posición predicha de estos residuos en la cara endofacial de la proteína, es posible sugerir que los residuos T335 y H337 contribuyen a la formación del sitio de unión para citocalasina B en el transportador GLUT1 (Financiado por el proyecto FONDECYT 1020908).

EFFECTO DE LA MICROINYECCIÓN DE γ -TUBULINA RECOMBINANTE SOBRE EL DESARROLLO TEMPRANO DEL PEZ CEBRA. (Recombinant γ -tubulin microinjection effect on zebrafish early development). **Pouchucq, L.**, Fuentes, R, Diaz, C., Lagos, R., Monasterio, O. Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Los microtúbulos (MT) son componentes altamente dinámicos del citoesqueleto. Están constituidos por heterodímeros de $\alpha\beta$ -tubulina que interaccionan longitudinal y lateralmente. El ensamblaje *in vitro* de MT ocurre mediante una fase limitante de nucleación y una fase rápida de elongación. Se ha propuesto un mecanismo que involucra a γ -tubulina como responsable de la nucleación de MT *in vivo*. γ -tubulina es importante en la formación del huso mitótico y la regulación del ciclo celular. En el citoplasma γ -tubulina forma parte de estructuras anulares que se asocian al extremo(-) de los MT, las cuales son abundantes en la matriz pericentriolar. En este trabajo se determinó la expresión de γ -tubulina endógena y se microinyectó γ -tubulina recombinante marcada con TAMRA(carboxitetrametil-rodamina) no funcional en embriones tempranos del pez cebra. El desarrollo temprano de los embriones microinyectados se visualizó por microscopía de fluorescencia y microscopía DIC. En estadios tempranos del desarrollo, el pez cebra contiene γ -tubulina endógena y su mensajero. La microinyección de γ -tubulina recombinante en estadios tempranos del desarrollo generó alteraciones en la división celular, en la estructura, la dinámica y la segregación ovoplásmica de los embriones. La microinyección de α -tubulina en la mismas condiciones no altera el desarrollo de los embriones, indicando que el efecto observado al microinyectar γ -tubulina es específico. Proyecto FONDECYT 1050677.

FOSFORILACIÓN POR PROTEÍNA QUINASA C REGULA INTERACCIONES PROTEÍNA-PROTEÍNA ENTRE LOS FACTORES DE TRANSCRIPCIÓN RUNX2, C/EBP β Y VDR (Protein kinase C phosphorylation regulates protein-protein interactions between the transcription factors Runx2, C/EBP β and VDR) **Bruna, C.**, Arriagada, G., Ugarte, G., Paredes, R., Martínez-Oyanedel, J., Bunster, M., Montecino, M. Laboratorio de Biología Celular y Molecular. Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. Universidad de Concepción.

El factor de transcripción Runx2 es un transactivador esencial en el proceso de diferenciación osteoblástica.

La proteína Runx2 se ha descrito como modular, destacándose los siguientes dominios: Runt, a través del cual se une al ADN en sus genes blanco. NLS y NMTS, que localizan a Runx2 en el núcleo y en sitios transcripcionalmente activos. T1 y T2, con los cuales interacciona con Smads y recluta complejos remodeladores de cromatina.

Recientemente, hemos identificado un nuevo dominio de transactivación que comprende los residuos 209-361, el cual regula transcripción a través de interacciones directas con otras proteínas, como el receptor de vitamina D3 y C/EBP β . Estas interacciones resultan en una activación sinérgica de genes controlados por Runx2.

El análisis de la secuencia de Runx2 revela la presencia de 8 posibles sitios de fosforilación por proteína quinasa C, 4 de los cuales están localizados en el dominio 209-361.

En este trabajo se estudió la contribución de la fosforilación por PKC sobre las interacciones entre Runx2, VDR y C/EBP β .

Para ello, se produjeron proteínas recombinantes, se las fosforiló *in vitro* por PKC y se ensayó interacción directa mediante GST pull-down.

Nuestros resultados indican un mecanismo regulatorio de interacciones proteína-proteína mediado por proteína quinasa C, el que tendría un rol importante en la expresión de genes tejido óseo-específico.

UN NUEVO MÉTODO PARA ENCONTRAR RELACIONES FUNCIONALES DISTANTES ENTRE PROTEÍNAS (A novel method for finding distant functional relationships among proteins). **Veloso, F.**, Holmes, D.

Laboratorio de Bioinformática y Biología Genómica, Universidad Andrés Bello e Instituto Milenio de Biología Fundamental y Aplicada, Santiago, Chile. Email: fa_veloso@yahoo.com

Fundamento: Hasta hoy, la búsqueda de relaciones funcionales entre genes se ha basado en aminoácidos conservados en alineamientos y patrones detectados en las secuencias proteicas asociadas. Se presenta un enfoque distinto para este fin, consistente en la comparación entre la composición aminoacídica de proteínas reales y la de proteínas derivadas de genes teóricos sin restricción biológica alguna (uso de codones, pentámeros, etc.) . Lo anterior se expresa matemáticamente como un contenido de información en las proteínas reales.

Métodos: Se calculó este contenido (en bits) por aminoácido, por proteína, y por organismo en 162 genomas (500.000 proteínas aprox.) , entre bacterias y archaeas.

Resultados: Los aminoácidos con mayor contenido de información son Cys, Arg, Glu y Ser, mientras que Leu, Tyr, Gln y Asn son los de menor contenido. Este resultado difiere de lo establecido en las matrices de sustitución de BLAST, el estándar para la comunidad científica. Además, existe una relación entre la función proteica y el perfil de información por cada aminoácido.

Conclusión: Este enfoque (i) provee una nueva manera para identificar similitud funcional de proteínas disímiles en secuencia, (ii) plantea la necesidad de recalibrar las matrices de sustitución de BLAST y (iii) entrega otro parámetro a considerar en genómica comparativa.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT 10500

AZAR EVOLUTIVO (Evolutionary randomness). **Valenzuela C. Y.** Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Hay una falsa concepción de azar como desorden. El azar se relaciona con entropía, movimiento Browniano y evolución azarosa o por deriva. El azar implica isoprobabilidad de alternativas equivalentes, lo que es un orden perfecto. Lanzar una moneda al aire múltiples veces y constatar que sale cerca de 0,5 cara y 0,5 sello, con una varianza de 0,25 y ajuste a los momentos de la distribución binomial es admirable. Lo mismo vale para todas las distribuciones probabilísticas construidas de acuerdo al azar. En movimiento Browniano la esperanza de movimiento en una dirección es la misma para cualquier partícula de la misma sustancia presente en el sistema. En evolución molecular neutral, la deriva implica que en un sitio nucleotídico se espera que las 4 bases (A, T, G, C) se encuentren en la proporción 0,25 cada una, tanto entre genomas distintos como dentro de un mismo genoma. Esto es si comparamos genomas que han evolucionado aparte por más de 100.000.000 de generaciones que en bacterias es cerca de 100.000 años. Por un error de concepción del azar se pensó que la deriva llevaba a los alelos a fijarse o a ser eliminados, lo que explicaría la inmensa conservación de las secuencias genómicas. La deriva puede permitir una sustitución, pero es imposible que mantenga una frecuencia fijada. El movimiento Browniano podría producir la pirámide de Keops pero es imposible que la mantenga.

ESTRUCTURA DE LOS RNA QUIMÉRICOS MITOCONDRIALES (Structure of the mitochondrial chimeric RNAs). **Burzio, V.**, Villegas, J., Villota, C. and Burzio, L. O. Instituto Milenio MIFAB, Fundación Ciencia para la Vida y BiosChile I. G. Av. Zañartu 1482, Santiago.

En los últimos años el dogma central de la biología se está re-analizando debido al descubrimiento de una familia cada vez más abundante de RNAs que no codifican para proteínas. Estos transcritos nucleares parecieran cumplir funciones tan diversas como en desarrollo, como señales epigenéticas y en varias enfermedades. Nuestro laboratorio ha descubierto en ratón y humano una familia de nuevos RNAs mitocondriales que tampoco codifican para proteínas y que funcionalmente están relacionados con proliferación celular y cáncer. En general estos transcritos están formados por repetidos invertidos (RI) de diferente longitud unidos covalentemente al RNA mitocondrial sentido 16S (mt16S) o al RNA mitocondrial antisentido 16S. Debido a que transcripción de los dos componentes de estos transcritos (RI + mt16S) depende de diferentes promotores, hemos denominado a estos transcritos como RNA quiméricos (RNAq) sentido o antisentido. El RNAq sentido-1 contiene un RI de 815 nts (humano) o 732 nts (ratón) unido al 16S sentido. El RNAq sentido-2 y -3, tienen RI más cortos y se expresan solo en células transformadas con virus oncogénicos (HPV y HTLV-1). Los tres RNAq antisentido humano tienen RI que varían entre 189 a 514 nts. Se discutirán estos resultados así como las nuevas estrategias utilizadas para la secuenciación (Proyectos P04-071-F, MIFAB, DI-26-04, DI-57-04 y DI 32-03 U. Andrés Bello).

ANÁLISIS DEL PROMOTOR DEL GEN—SDH2-3 DE—ARABIDOPSIS THALIANA (Analysis of the Arabidopsis thaliana SDH2-3 gene promoter) **Roschztardt H.**¹, Gómez I.¹, Araya A.² y Jordana X.¹
⁽¹⁾Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile; ⁽²⁾Laboratoire de Réplication et Expression des Gènes Eucaryotes et Rétroviraux, UMR 5097, CNRS et Université Victor Segalen-Bordeaux II, 33076 Bordeaux-Cedex, Francia.

En *Arabidopsis* tres genes nucleares (*SDH2-1*, *SDH2-2* y *SDH2-3*) codifican para la subunidad hierro-azufre del complejo II de la cadena respiratoria mitocondrial. Los genes *SDH2-1* y *SDH2-2* se expresan en todos los tejidos de plantas adultas, mientras que el transcrito de *SDH2-3* solo es detectado en semillas durante la embriogénesis. El análisis de plantas transgénicas que contienen una construcción con el promotor de *SDH2-3* fusionado al gen reportero GUS muestra que la actividad del promotor se inicia en cotiledones durante la maduración del embrión. Ello se correlaciona con la detección del transcrito, demostrando que la regulación es transcripcional. Hemos mutado el promotor de *SDH2-3* y realizado fusiones al reportero GUS. También fusionamos una región del promotor de *SDH2-3* a un promotor mínimo (caja TATA) seguido de GUS (ganancia de función). Se presentarán los resultados obtenidos con estas líneas transgénicas. Por otra parte, evaluamos la acumulación del transcrito *SDH2-3* en semillas de plantas mutantes en factores de transcripción que se sabe son importantes para la expresión de genes durante la fase de maduración del embrión en *Arabidopsis*. FONDECYT 1020930, PICS 2179 (CNRS-Francia) y CONICYT AT-4040013.

MICROBIOLOGÍA AMBIENTAL I

AISLAMIENTO DE PSEUDOMONAS SP ARSENITO-OXIDANTES DESDE MUESTRAS DE ROCAS VOLCÁNICAS. (Isolation of *Pseudomonas* sp arsenite-oxidizing from volcanic rocks) ¹**Campos, V.**, ¹Valenzuela, C., ²Zaror, C., ³Yañez, J., ¹Mondaca, M. A. ⁽¹⁾Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. ⁽²⁾Departamento de Ingeniería Química. Facultad de Ingeniería. ⁽³⁾Departamento de Química Analítica, Facultad de Ciencias Químicas. Universidad de Concepción. vcampos@udec.cl.

El arsénico se encuentra en estado natural en rocas, suelo, agua, aire y es liberado al ambiente mediante fenómenos naturales tales como erupciones volcánicas, erosión de las rocas e incendios forestales, donde los microorganismos son esenciales para el ecosistema por su participación en diferentes procesos naturales. El objetivo fue aislar bacterias resistentes a arsenito, desde muestras de rocas provenientes de la Quebrada Camarones (I región). Las rocas fueron cultivadas en un medio mineral adicionado con arsenito (500 ug/ml) durante 7 días a temperatura ambiente y con agitación. Las cepas fueron aisladas en diferentes medios e identificadas mediante el sistema Rapid™ NF plus. La capacidad de oxidar arsénico fue realizada mediante ensayos con nitrato de plata y la detección de genes *aox*, mediante RT-PCR. Se aislaron bacilos Gram negativos, no fermentadores, identificados como *Pseudomonas alcaligenes*, todas ellas capaces de tolerar concentraciones igual o mayor a 8 mM de As(III). Los análisis mediante RT-PCR demuestran la presencia de genes *aox*, que codifica para una enzima oxidante que cataliza la oxidación de As(III) a As(V). La capacidad de oxidar arsenito de las cepas aisladas, favorecía la colonización de otras especies no tolerantes a arsénico importantes en los ciclos biogeoquímicos. Fondecyt 1050088

CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS, RESISTENTES A ARSÉNICO, DESDE UN SISTEMA NATURAL ALTAMENTE CONTAMINADO CON EL METALOIDE. (Arsenic-resistant bacteria isolated from environment contaminated with arsenic) ¹Mondaca, M. A., ²Paredes, E., ²Opazo, A., ¹Escalante, G., ³Zaror, C., ¹Campos, V. ⁽¹⁾Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. ⁽²⁾Facultad de Farmacia. ⁽³⁾Departamento de Ingeniería Química. Facultad de Ingeniería. Universidad de Concepción. mmondaca@udec.cl

Las bacterias presentes en ambientes contaminados con arsénico son afectadas, prosperando aquellos microorganismos que sean capaces de tolerar esta presión ambiental y adaptarse mediante mecanismos de resistencia. El objetivo del presente trabajo fue aislar bacterias resistentes a arsénico, desde sedimentos naturales con diferentes concentraciones del metaloide. Las muestras de sedimentos se obtuvieron desde el río Camarones (I región). Las muestras se incubaron en medio mineral durante 7 días, a temperatura ambiente, con agitación. Diluciones apropiadas de las muestras se sembraron en agar R2A, agar Cetrimide, agar Mc Conkey, agar R2A adicionado con rojo congo y se incubaron a 25°C, durante 3 días. Se determinó los niveles de tolerancia a As(III), As(V) y a otros metales. Se investigó la presencia de genes *aox* por RT-PCR y *ar* por PCR. Los resultados muestran la presencia de bacterias resistentes a arsenito y arseniato, con niveles de tolerancia mayores a 8 mM. Las especies predominantes corresponden a bacilos Gram negativos no fermentadores. Las cepas analizadas mediante PCR y RT-PCR muestran la presencia de genes *ar* y *aox*. El hallazgo de cepas As-oxidantes permitiría su uso potencial en la detoxificación de aguas contaminadas con arsénico. FONDECYT 1050088; Proyecto DIUC 204.036.027-1

FORMACIÓN DE MINERALES COMO RESULTADO DE LA RESPIRACIÓN BACTERIANA DE ARSÉNICO Demergasso¹, C Escudero G., L¹, Chong D. G.², Pedrós-Alió³ C.

¹Laboratorio de Microbiología Técnica, Universidad Católica del Norte

²Centro de Investigación Científica y Tecnológica para la Minería (CICITEM), Región de Antofagasta.

³Instituto de Ciencias del Mar, CMIMA, CSIC, Barcelona, España.

Una gran concentración de boratos se sitúa en la región en la que los Andes alcanzan su anchura máxima, con particulares condiciones geotectónicas y de marco geológico, incluyendo una intensa actividad volcánica cenozoica. Como minerales de ganga asociadas aparecen, entre otros, sulfuros de arsénico tanto en los horizontes de boratos como en la sobrecarga. El objetivo de esta investigación es complementar el estudio de la participación de microorganismos que respiran arsénico en la formación de estos minerales en el Salar de Ascotán, Norte de Chile.

Se recolectaron muestras líquidas y de sedimentos, se midieron los parámetros fisicoquímicos en terreno y las concentraciones de arsénico en laboratorio. La abundancia de las bacterias reductoras de arsénico fue determinada a través del número más probable. Paralelamente se analizó por PCR la presencia de genes utilizados como marcadores de la respiración de As (V). Se hizo análisis de la población de genes 16S rRNA para la identificación filogenética de las comunidades procariontas involucradas.

El pH de las muestras líquidas fluctúa entre 7.23 y 7.98 y las concentraciones de arsénico entre 4.38 y 183 mg/L. Los sedimentos tienen contenidos de arsénico que varían entre 781 y 6504 mg/Kg.

La población de bacterias reductoras de arsénico y sulfato oscila entre 3.9×10^2 y 2.8×10^5 cel/mL para las muestras líquidas y entre 2.4×10^5 y 1.6×10^6 cel/g para los sedimentos. Solo el PCR de las muestras sólidas evidenció la presencia de microorganismos respiradores de arsénico, lo que analizado junto con los resultados del MPN indicaría que estamos bajo el límite de detección del análisis por PCR de estos genes.

Los ensayos de enriquecimiento y aislamiento permitieron obtener cultivos de algunas de las morfologías celulares observadas en las muestras originales.

La comunidad está formada tanto por Bacterias como por Archaeas.

Estos trabajos se realizaron en el marco del proyecto FONDECYT 1030441 y CTM2004-02586/MAR.

SECONDARY STRUCTURE OF THE 16S–23S rRNA INTERNAL TRANSCRIBED SPACER REGION: A PROBLEM FOR ECOLOGICAL STUDIES IN CYANOBACTERIA. (Estructura secundaria en la región espaciadora transcrita del rRNA 16S-23S: un problema para estudios ecológicos en cianobacterias.) **Lavin, P¹,** Gomez, P¹, Gonzalez, B², & Ulloa, O¹. ¹Depto. Oceanografía y Depto. Botánica, Facultad Ciencias Biológicas y Oceanográficas. UDEC. Concepción; ²Depto. Genética Molecular y Microbiología, Facultad Ciencias Biológicas. PUC. Santiago, Chile. palavin@udec.cl

Culture independent, molecular approaches are being increasingly used in microbial ecology. We amplified, cloned, and sequenced the 16S rRNA plus the 16S–23S internal transcribed spacer (ITS) regions from environmental samples of the cyanobacteria *Synechococcus* and *Prochlorococcus*, to investigate the potential use of ITS sequence in population genetic studies. Denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) and terminal restriction fragment length polymorphisms (TRFLP), two PCR-based techniques, were used to accomplish this. Typically, we obtained more than one band per environmental clone with DGGE, and more than one length per clone in TRFLP. To elucidate the possible effect of the secondary structure on the PCR products, each cloned ITS sequence was modeled at different temperatures. Our results show that the length of the PCR fragments resulting from the artifactual deletion of internal loops predicted by the secondary structure, are coincident with the length of the fragments obtained by TRFLP. To avoid anomalous PCR products, we have modified the standard TRFLP procedure by adding labeled primer to ITS in the last two cycles, obtaining positive results.

Work supported by FONDAP (grant 1501-00007/COPAS, Program-2, and grant 1501-0001/CASEB Program-7), Marine Genomics-CONICYT, and FUNDACION ANDES C-13851.

ESTRUCTURA Y FUNCIÓN DE ENSAMBLES MICROBIANOS ASOCIADOS AL SISTEMA ACTINORRÍCICO *Frankia - Colletia hystrix* (Structure and function of microbial assemblages associated to actinorhizal system *Frankia-Colletia hystrix*)

Orlando, J.; Bravo, L.; Chavez, M.; Alfaro, M.; Farías, F.; Guevara, R. y Carú, M. Lab. de Ecología Microbiana, Depto. de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. mcaru@codon.ciencias.uchile.cl.

La caracterización de las actividades microbianas asociadas al suelo y la rizósfera requiere la comprensión de la composición, estructura y función de los ensamblajes microbianos a nivel de comunidad y gremio. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la estructura y función de la comunidad bacteriana del suelo y del gremio fijador de nitrógeno, utilizando como modelo la simbiosis actinorrícica *Frankia - Colletia hystrix*. Para ello se analizaron muestras de rizósfera y suelo de las fracciones total y cultivable mediante patrones de T-RFLP de los marcadores 16S rDNA y del gen *nifH*. Las asociaciones entre las muestras se estimaron mediante dendrogramas contruidos a partir de los perfiles de T-RFLP. Los agrupamientos fueron confirmados por PCA. Se observó una clara separación entre la fracción total y cultivable, donde la comunidad de la rizósfera formó un grupo independiente bien definido, influenciado por el nitrógeno disponible según lo determinado por análisis de correspondencia canónica. La capacidad de fijación de nitrógeno, determinada por el ensayo de reducción de acetileno fue más baja en la fracción cultivable que en la rizósfera de la fracción total. Para determinar si dicha actividad es atribuible a *Frankia* se determinaron las unidades genómicas de este diazótrofo en la rizósfera y suelo mediante NMP-PCR.

Financiamiento: FONDECYT, Proyecto N°1040880

EL TIPO DE COMPARTIMENTO Y LOS NIVELES DE COBRE DETERMINAN LA ESTRUCTURA DE LAS COMUNIDADES EN EL INTERMAREAL ROCOSO EXPUESTO A DESCARGAS DE RELAVES DE LA MINERÍA DE COBRE). Type of compartment and levels of copper shift the structure of bacterial communities in intertidal rocky shores exposed to copper mine tailing discharges. **Morán, A. C.**¹, Hengst, M. B.¹, De la Iglesia, R.¹, Andrade, S.², Correa, J. A.² and González, B.¹ ¹Depto. de Genética Molecular y Microbiología, ²Depto. de Ecología, and Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity. Facultad de Ciencias Biológicas. P. Universidad Católica de Chile. *amoran@bio.puc.cl

Bacterial communities of coastal rocky intertidal ecosystems impacted for more than 60 years by copper mine wastes were characterized by terminal restriction fragment length polymorphism (T-RFLP). Different compartments from control and impacted sites were studied: seawater, sediments, biofilms adhered to rocks, and surfaces of two algae, *Lessonia nigrescens* and *Ulva compressa*. The type of compartment, but not copper, significantly affect diversity. Sediment was the most diverse compartment and algal surfaces the less diverse system. Nevertheless, the structures of bacterial communities of different compartments were significantly affected by copper, being sediments the most affected compartment. Taxonomic profiles, constructed by assigning T-RFLP signals to bacterial groups, suggested that the difference among compartments was related to aggregate-attached vs. free-living life style of bacteria. That was mainly determined by the proportion of *g-Proteobacteria*. However, these profiles were not significantly affected by copper levels. Financial support was from FONDAP 1501 0001/CASEB Program 7 and Marine Genomics-CONICYT, FUNDACION ANDES C-13851.

GENOMIC ANALYSIS OF THE AROMATIC CATABOLIC PATHWAYS FROM *CUPRIAVIDUS NECATOR* JMP134. (Análisis genómico de las vías de degradación de compuestos aromáticos en *C. necator* JMP134). **Pérez-Pantoja, D.**¹; De la Iglesia, R.¹; González-Pastor, J. E.²; de Lorenzo, V.²; González, B.¹ ¹Depto. Genética Molecular y Microbiología. P. Universidad Católica de Chile, CHILE; ²Centro de Astrobiología (CSIC-INTA), SPAIN. drperez@puc.cl

C. necator JMP134 is a well-known (halo)aromatic compounds degrading strain. The complete genome sequence of *C. necator* is now available. We performed the metabolic reconstruction of aromatic compounds degradation, correlating the catabolic abilities as determined in silico with a complete study of the range of compounds that support growth of this bacterium. Catabolic genes putatively encoding the degradation pathways for aromatics were identified by means of BLAST software using published gene sequences as in silico probes. We observed a strong correlation between the catabolic abilities found in silico with those determined *in vivo*. At least twelve central ring-cleavage pathways for aromatic compounds were detected. In order to confirm the functionality of these pathways we also performed a transcriptional analysis of these genes. A 50-mer oligonucleotide DNA microarray including 350 genes of *C. necator* was designed and used to conduct differential gene expression profiling during exponential growth on fructose with several aromatic compounds as inducers of the predicted ring-cleavage pathways. Functionality of most of the catabolic pathways predicted was verified. This work confirmed the potential of complete genome sequencing to predict the metabolic abilities of microorganisms and the utility of microarrays to confirm metabolic predictions. Work supported by a FONDECYT grant (1030493), the MIFAB Millennium Institute, the DOE-JGI initiative and the ICA4-CT-2002-10011 (ACCESS) Contract of the European Union. D. Pérez-Pantoja is a UNESCO-IUMS-SGM short-term fellowship recipient.

MICROBIOLOGÍA GENERAL

ACTIVIDAD BIOCONTROL DE BACTERIAS DEL ECOSISTEMA NATURAL DE LAS VIDES (Biocontrol activity of bacteria from the natural grape ecosystem). **Troncoso M.**, Rivas P., Figueroa A., Figueroa G. Laboratorio de Microbiología, INTA, Universidad de Chile.

Las enfermedades de la vid constituyen un importante problema que afecta los procesos productivos y compromete las exportaciones de uva. Los tratamientos con antifúngicos o antibacterianos pueden generar residuos y no siempre son eficientes en el control de los patógenos. Los biocontroles, son una alternativa para el tratamiento químico de fitopatógenos que afectan a las plantas y frutos durante su producción ya que actúan directamente sobre patógenos que comparten su mismo nicho ecológico, regulando así la densidad de su población. **Objetivo:** Evaluar la capacidad antagonista de la bioflora natural de vides sobre bacterias indicadoras. **Métodos.** Se evaluó 187 cepas aisladas de uvas sanas, hojas o sarmientos de parronales de la IV, V, Metropolitana y VI región. La actividad antibacteriana se determinó mediante ensayos de spot con dos cepas blanco *Bacillus subtilis* BGA y *E. coli* ATCC 25922. **Resultados.** 50/187 (27%) cepas estudiadas poseían actividad antagonista, de ellas 42 (22%) solo frente a *Bacillus* BGA, 2 (1%) contra *E. coli* ATCC 25922 y 6 (3 %) contra ambos indicadores. En un subgrupo de 27 cepas de *Bacillus* sp, 2 presentaron además efecto inhibitorio sobre *Salmonella* sp, *Shigella sonnei*, *E. coli* 0157 y *S. aureus*. **Conclusión.** Este estudio permitió seleccionar al menos 6 cepas con actividad antagonista que luego de evaluar su sobrevivencia "in vivo" podrían tener aplicación tecnológica como biocontroladores en el huerto. **Proyecto DI MULT 04/05-2**

TRICHODERMA VIRIDE 32, T. PILULIFERUM 33 Y T. POLYSPORUM 34: OBTENCIÓN Y SELECCIÓN DE MUTANTES (*Trichoderma viride* 32, *T. piluliferum* 33 Y *T. polysporum* 34: obtention and selection of mutants) **Lespinasse, M.**, Jofré, M., Morales, E., Polanco, R., Pérez, L. M. Laboratorio de Bioquímica, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello.

El tomate, una de las hortalizas de mayor importancia agronómica en Chile, es atacado por fitopatógenos del sistema radical, tales como *Rhizoctonia solani*, *Pyrenochaeta lycopersici* y *Phytophthora parasitica*. Su control se ha realizado mediante la rotación de cultivos y el uso de bromuro de metilo (MeBr). Este último contamina el medio ambiente y daña la capa de ozono. El uso de hongos del género *Trichoderma* ha mostrado su efectividad en el antagonismo de numerosos patógenos vegetales, constituyendo una alternativa al uso de MeBr.

Los aislados *T. viride* (Tvir32), *T. piluliferum* (Tpil33) y *T. polysporum* (Tpol34), seleccionados previamente como eficientes bioantagonistas de los fitopatógenos antes mencionados, fueron sometidos a tratamiento con nitrosoguanidinio. Se seleccionaron mutantes de las tres especies de *Trichoderma* según su capacidad de desarrollo a diferentes temperaturas y secreción de enzimas hidrolíticas tales como quitinasas y proteasas, de entre un total de aprox. 80 mutantes obtenidas. Todas las mutantes seleccionadas mostraron características mejoradas en cuanto a mecanismos de biocontrol con relación a los aislados parentales, lo que se refleja en su capacidad para antagonizar a los patógenos mencionados.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1040531-04, UNAB DI23-02.

EFFECTO DE METABOLITOS SOBRE LA GERMINACIÓN Y EL CRECIMIENTO MICELIAL DE *BOTRYTIS CINEREA* (Effect of metabolites on germination and mycelial growth of *Botrytis cinerea*) *Cotoras, M., *Saavedra, A., *Rivera, A., #Araya-Maturana, R., *Mendoza, L.

*Facultad de Química y Biología Universidad de Santiago de Chile. #Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

Botrytis cinerea es un hongo fitopatógeno facultativo, causante de la enfermedad denominada "pudrición gris". En Chile, el desarrollo de este hongo tiene una alta tasa de incidencia debido a las condiciones climáticas que favorecen su crecimiento. Para controlar la "pudrición gris", *B. cinerea* ha sido tratado tradicionalmente con fungicidas comerciales, del tipo dicarboximidazoles y benzimidazoles.

En nuestro laboratorio estamos interesados en la búsqueda de nuevos compuestos que presenten actividad contra *B. cinerea*. El diterpeno ácido 3 b-hidroxikaurenoico, obtenido de la planta *Pseudognaphalium vira vira* provoca en *B. cinerea* un retardo en la germinación de los conidios y en el crecimiento micelial, en medio de cultivo sólido. En cambio, el compuesto 4, 4 dimetil antraquinona-1(4H) ona inhibe la germinación en un 100%, durante 15 horas; sin embargo, solo inhibe parcialmente el crecimiento micelial. Estudios del mecanismo de acción de estos compuestos han demostrado que ambos provocan lisis del micelio. El ácido 3 b-hidroxikaurenoico altera la membrana celular e inhibe parcialmente la cadena respiratoria durante la germinación. En cambio, el derivado de antraquinona inhibe totalmente el consumo de oxígeno en estas esporas.

Este trabajo fue financiado por los proyectos FONDECYT 1030916 y 1030466 e IFS F/3115-1 y C/ 2807-2.

ESTUDIO DEL GEN *ast* DE *Xanthophyllomyces dendrorhous* (Study of *ast* gene of *Xanthophyllomyces dendrorhous*). Carmona, M.; Alcaino, J.; Barahona, S.; Sepúlveda, D.; Wozniak, A.; Baeza, M. y Cifuentes, V. Laboratorio de Genética, Depto. Cs. Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Xanthophyllomyces dendrorhous es una levadura basidiomicete que produce astaxantina, carotenoide utilizado en acuicultura para la coloración de salmónidos. El paso de β -caroteno hasta astaxantina es controlado por el gen *ast* que codifica la enzima *astaxantina sintetasa*. Para clonar el gen *ast*, inicialmente se realizó un mapa genómico de restricción de la cepa silvestre de *X. dendrorhous*. Mediante hibridación se ubicó al gen en un fragmento *PstI* de 4, 0 Kb, lo que permitió la construcción de una genoteca parcial, con fragmentos entre 3. 5 a 4. 5 kb, en el sitio *PstI* del vector pBluescript. Paralelamente, se clonó el cDNA del gen *ast* mediante RT-PCR. El análisis de la secuencia del gen y su cDNA determinó que tiene un tamaño de 3. 995 pb y esta constituido por 18 exones y 17 intrones. Para determinar su localización en el genoma de esta levadura, se realizó un cariotipo electroforético. Para ello, DNA cromosómico intacto fue separado mediante electroforesis de campo pulsado y luego, por hibridación, se determinó que el gen se encuentra en las bandas cromosómicas 1 y 2. Estos resultados nos han permitido avanzar en la ruta de biosíntesis de carotenoides de *X. dendrorhous*, desde una perspectiva génica y su proyección a nivel biotecnológico.

Agradecimientos: FONDECYT N° 1040450 y Convenio U. de Chile - C. S. I. C. España.

CALCINEURINA DE *TRYPANOSOMA CRUZI*: CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LA SUB UNIDAD CATALÍTICA CaNA. Orrego P¹., Sossa P¹., Rodríguez C.¹, Neira I.¹, Sagua H¹., González J¹., Araya JE^{1*}.

¹Unidad de Parasitología. Universidad de Antofagasta-Chile. *jearayar@uantof.cl

En nuestro laboratorio tenemos serias evidencias de que Calcineurina esta implicada en el proceso de invasión ya que inhibidores de ella, tales como Ciclosporina A y Cypermetrina, inhiben la penetración de tripomastigotes a las células huésped.

Calcineurina es una serina-treonina fosfatasa de proteína del tipo 2B (CaN), dependiente de

Ca²⁺ and Calmodulina, constituida por una sub unidad catalítica (CaNA) y una sub unidad regulatoria (CaNB) esta se une al Ca²⁺ por sus dominios "EF hands". La existencia del gen que codifica para la sub unidad regulatoria de Calcineurina CaNB ha sido demostrada en nuestro laboratorio y su secuencia completa está depositada en el GeneBank con numero de acceso AY570505.

Con el propósito de clonar y caracterizar el gen que codifica para la sub unidad catalítica de Calcineurina de *T. cruzi* se sintetizaron partidores degenerados deducidos de la secuencia de amino ácidos obtenida por análisis de proteómica. El fragmento amplificado fue secuenciado y posteriormente empleado como sonda para tamizaje en genotecas de ADNc de tripomastigotes metacíclicos. Un clon denominado de CaNA. 1 fue aislado, secuenciado y caracterizado molecularmente.

El análisis de Northern blot reveló la existencia de un transcrito of 2, 3 kb, el cual está presente en todos los estadios evolutivos del parásito. El gen está presente en un bajo número de copias en el genoma de *T. cruzi*, tanto en la cepa CL como G. Los resultados del Southern blot fueron concordantes con los observados en el Cromo blot, encontrándose la presencia de secuencias homólogas al gen CaNA tan solo en dos bandas cromosomales. Nuestro resultados constituyen el primer reporte de la existencia de este gen en *T. cruzi*.

Financiamiento: FONDECYT 1051045, FUNDACIÓN ANDES

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE ACTIVIDAD ATPASA DE NSP5 EN ROTAVIRUS

(Identification and Characterization of the ATPase activity of NSP5 in Rotaviruses) **Bar-Magen, T.**^{1, 2}, Ricardo, A.¹, Spencer, E.¹, Patton, J.²

¹Laboratorio de Virología, Dep. de Ciencias Biológicas, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile

²Laboratory of Infectious Diseases, NIAID, National Institutes of Health, Bethesda, MD

La replicación del genoma de rotavirus y el ensamble de las partículas virales ocurre en el citoplasma, en inclusiones llamadas viroplasmatas. Las proteínas no estructurales NSP2 y NSP5 interactúan y forman estructuras tipo viroplasmatas en la ausencia de otras proteínas virales. NSP5 también se caracteriza por su afinidad a ARN de simple hebra y ARN de doble hebra como también por sus varias modificaciones post traduccionales que incluyen la fosforilación, hiperfosforilación y NAc-O-Glicosilación.

Por cromatografía de capa fina hemos determinado que NSP5 tiene una actividad ATPasa dependiente de Magnesio. La actividad no se ve afectada por la presencia de ARN o NSP2. Tampoco una mutación de la serina 67 tuvo algún efecto sobre la actividad ATPasa de NSP5. La fosforilación de la serina 67 es un evento que activa la hiper-fosforilación de NSP5 y se cree que es el primer evento de fosforilación llevado a cabo por la kinasa celular CKI. Por lo tanto, NSP5 posee una actividad ATPasa que no está relacionada con la serina 67 o con la fosforilación de la proteína.

Financiado por NIAID/NIH, Fulbright y Beca de Apoyo de Beca Doctoral-CONICYT a T. B. y proyecto FONDECYT 1050002 a E. S.

LA EXPRESIÓN EN TRANS DE LA PROTEÍNA VIRAL NSP5 DIFICULTA EL CICLO REPLICATIVO DE ROTAVIRUS.

(Trans-expression of viral protein NSP5 hinders the replicative cycle of Rotavirus). **Sotelo, P.;** Cifuentes, N.; Chnaiderman, J.

Programa de Virología, ICBM, Fac. Medicina, Universidad de Chile. Patrocinado por Dr. Héctor Toledo.

Rotavirus pertenece a la familia Reoviridae, su genoma consiste en 11 segmentos de RNA doble hebra y se replica en estructuras subcelulares denominadas viroplasmatas las cuales están compuestas por la proteína NSP5 entre otras. Esta proteína presenta varias isoformas dependiendo del estado de fosforilación. La función de cada una de estas isoformas durante la infección es desconocida. Dado que no existe un sistema de genética reversa para este virus, una forma de estudiar el rol de proteínas virales es por medio de su expresión en *trans*. Estudios preliminares realizados en nuestro laboratorio y por otros grupos han demostrado que NSP5 suministrada en *trans* es capaz de ser incorporada a los viroplasmatas.

En un intento por estudiar la proteína NSP5 hemos logrado, por medio del uso de un vector retroviral, expresarla en células MA104. Sorprendentemente al realizar titulaciones de virus producidos tanto en células que expresan NSP5 (NSP5⁺) como en células parentales, hemos observado una disminución en el título viral (cantidad de virus producido) en las células NSP5⁺ en comparación con las células control. Además, en estudios de colocalización, por medio de inmunofluorescencia, de NSP5 con la proteína VP6 (proveniente de la infección viral) en células NSP5⁺ hemos observado que la proteína NSP5 expresada en *trans* dificulta el ciclo replicativo de Rotavirus. El efecto de la dosis, además del estado de fosforilación de NSP5 suministrada en *trans*, sobre el ciclo replicativo son discutidos.

Proyecto Financiado por Fundación ANDES. P. S. es becario del DAAD.

DETECCIÓN DEL VIRUS DEL SÍNDROME RESPIRATORIO Y REPRODUCTIVO PORCINO (VPRRS) EN SUERO Y TEJIDOS DE CERDOS INOCULADOS

(PRRSv detection from serum and tissues of experimentally inoculated pigs) Cerda L.¹, García A.¹, Lecocq C.¹, Díaz N.¹, Ruiz A.², Quezada M.² (¹Departamento Laboratorio y Estaciones Cuarentenarias Agrícola y Pecuaria, Servicio Agrícola y Ganadero ² Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad de Concepción)

Con el fin de conocer la forma de transmisión del aislado nacional del vPRRS, se realizó una experiencia utilizando 30 cerdos divididos en 6 grupos (G1, G2, G3, G4, G5, G6) de 5 animales cada uno. El G1 fue inoculado con 2 mL in y 1 mL im del vPRRS ($10^{5.7}$ TCID₅₀/mL), siendo mantenidos por 35 días en observación, periodo en el cual fueron muestreados para ELISA, RT-PCR y aislamiento viral al igual que G6 que fue control. Otros 4 grupos (G2, G3, G4, G5) se utilizaron como susceptibles, y entraron en contacto con los cerdos inoculados en diferentes periodos entre 3 y 35 dpc. Al sacrificio de los cerdos, se tomó muestras de pulmón y tonsila para aislamiento viral en células Marc 145.

En G1, se detectó viremia entre los 3 y 23 dpi y se aisló virus desde pulmón y tonsila en un 40 y 60% respectivamente y la seroconversión ocurrió a los 15 dpi.

En los cerdos contacto se observó viremia en los diferentes dpc; sin embargo, la seroconversión fue escasa. Por otra parte, en el 80% de los animales de G2 se aisló virus de tonsilas y en un 60% de pulmón a partir de los 14 dpi, llegando a un 100% de aislamiento viral en ambos órganos en G5.

Financiado por el Proyecto FONDECYT 1040414

ECOLOGÍA ANIMAL

LA IMPORTANCIA DE DIFERENTES CONDUCTAS DE MARCAJE DE TERRITORIO EN MACHOS DE *OCTODON DEGUS* (Rodentia). (The importance of different scent mark Behavior in males of *Octodon degus*). Soto-Gamboa M., Villa C., Franco L. M. Instituto de Zoología, Universidad Austral de Chile.

En mamíferos, el uso de señales olfativas es uno de los mecanismos más frecuentes en el marcaje de territorio. Con éstas los animales entregan información respecto a jerarquía, sexo, familiaridad, etc. Se conocen tres formas básicas de señales olfativas: secreciones anales (fecas), urogenitales (orina) y sebáceas de la piel (revolcamientos). En roedores, existen especies que se han especializado en el marcaje con orina, mientras que otras en el marcaje con revolcamientos. En este trabajo ponemos a prueba la hipótesis de que el marcaje con revolcamientos estaría asociado a roedores que habitan ambientes áridos. Para ello utilizamos a *Octodon degus*, roedor caviomorfo diurno que habita en ambientes semi-áridos de Chile central. Evaluamos las conductas de marcaje/sobremarcaje de territorio y los niveles de respuesta de machos reproductivos frente al marcaje artificial de machos foráneos. Se consideraron cinco tipos de marcas: Arena limpia (control), orina, fecas, revolcamientos, y mezcla (todos los anteriores). Los resultados indican que los animales responden a la arena limpia marcando el territorio principalmente con revolcamientos. Al agregar las marcas foráneas no se observaron cambios significativos de marcaje entre tratamientos, y siempre fueron menores que las observadas en arena limpia. Finalmente, la conducta de olfateo presentó diferencias significativas entre tipos de marcas, siendo mayores sobre muestras de fecas y revolcamientos. Los datos obtenidos sugieren estos marcajes serían predominantes para machos de *O. degus*. Se discute la importancia de este tipo de marcaje y los compuestos liposolubles depositados en ambientes áridos.

MECESUP AUG-011

LIMITACIONES POBLACIONALES PARA APHRASTURA SPINICAUDA (FURNARIIDAE) EN UN PAISAJE MODIFICADO POR ACTIVIDADES HUMANAS: EFECTO DE FRAGMENTACIÓN O DETERIORO DE HÁBITAT? (Population limitations in *Aphrastura spinicauda* in a human modified landscape: fragmentation or habitat deterioration effects?) **Cornelius, C.**, Univ. Missouri-St. Louis, Biology Department, MO63121-USA

Este estudio evaluó el efecto del deterioro y la fragmentación del hábitat sobre poblaciones de *Aphrastura spinicauda* que nidifican en cavidades en el bosque templado en Chiloé. Se replicaron tres tratamientos de hábitat con dos parcelas de 10-ha por hábitat: bosque primario, bosque talado selectivamente (ambos >500-ha) y fragmentos de bosque talados selectivamente (~12-ha). Se estimó la densidad de árboles, de aves y la sobrevivencia de nidos naturales en dos épocas reproductivas. Los bosques primarios tuvieron más sitios potenciales de nidificación, dados por un mayor número de árboles vivos (>40cm DAP). La densidad de *A. spinicauda*, estimada mediante funciones de detección hábitat-específicas, fue mayor en bosques primarios, pero no difirió entre bosques de gran tamaño talados y fragmentos talados. Los nidos se encontraron en árboles vivos (n=35) y muertos en pie (n=26). El número promedio de árboles vivos y muertos no predijo el número de *A. spinicauda* en bosques primarios pero sí en bosques talados. La sobrevivencia diaria de nidos, modelada utilizando un método de máxima verosimilitud (MARK), no difirió entre años ni hábitats. En este estudio, la fragmentación no tiene un efecto negativo adicional sobre el deterioro del hábitat y la disponibilidad de sitios de nidificación es el factor limitante más importante para esta especie.

BOSQUES CULTIVADOS DE PINO: HÁBITAT ALTERNATIVOS PARA FAUNA NATIVA (Cultivate pine forest: alternative habitat for native fauna) **Murúa, R.**, Schlatter, R. Figueroa, R. Figueroa, R. Ruiz, J. Briones, M. Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile FONDEF D0211005, Forestal MININCO.

La sustitución de bosques nativos por plantaciones de pinos ha significado históricamente reducción de las poblaciones de fauna propias del bosque. Recientes modificaciones en el manejo silvicultural de estas plantaciones (baja densidad, persistencia de quebradas con vegetación nativa) permitirían su colonización por fauna nativa. Analizamos la presencia de mamíferos y aves en dos rodales de pinos. Instalamos 3 redes de 96 trampas Sherman cada una para colecta de micromamíferos. El esfuerzo de captura total fue 2647 trampas/noche entre octubre 2003 y marzo 2005. Se calculó un índice de captura por unidad de esfuerzo. Además, se dispusieron 27 estaciones de atracción olfativa para macromamíferos, completando 69 estaciones operativas totales. Se calculó su densidad relativa (Linhart y Knowlton 1975). Se instalaron 60 casas anideras y se realizaron censos estacionales nocturnos y diurnos para aves rapaces. El ensamble de micromamíferos fue dominado por *Abrothrix longipilis*, con la presencia de *A. olivaceus*, *Oligoryzomys longicaudatus*, *Irenomys tarsalis*, *Pearsonomys annectens* y *R. norvegicus*. Adicionalmente, *Dromiciops gliroides* colonizó casas anideras. *Oncifelis guigna*, *Pudu pudu* y aves rinocriptidas fueron detectadas en las estaciones de atracción olfativa y *Strix rufipes*, *Glaucidium nanum* y *Falco sparverius* en los censos. Se analiza la diversidad encontrada en relación a las características de los rodales y la presencia de especies asociadas al bosque nativo.

LAS HEMBRAS DE OCTODON DEGUS NO DISCRIMINAN ENTRE CRÍAS PROPIAS Y AJENAS DURANTE LA LACTANCIA. (Females of *Octodon degus* do not discriminate between own and unrelated offspring during lactation). **Valdivia, I.**, M. J. Hurtado & L. A. Ebensperger. Centro de Estudios Avanzados en Ecología & Biodiversidad y Departamento de Ecología, P. Universidad Católica de Chile. FONDECYT 1020861.

El objetivo del estudio fue determinar si *degus* hembras discriminan entre crías propias y ajenas en la asignación de cuidado parental en respuesta a dos factores: estado de lactancia de la hembra y diferencia de edad entre crías ajenas y propias. Para esto, se sometió a hembras en período de lactancia temprana (primeros 2-3 días post-parto) e intermedia (días 6-7) a la posibilidad de interactuar simultáneamente con una cría propia y una cría ajena, fuera de su nido. Simultáneamente, las hembras también fueron expuestas a crías de similar o distinta edad. En el 100% de los experimentos realizados, las hembras transportaron a ambas crías al nido que contenía el resto de su camada. El orden de transporte de ambas crías no fue afectado ni por el estado de lactancia de las madres ni por la edad relativa de las crías. Sin embargo, las hembras interactuaron más frecuentemente con ambas crías cuando su estado de lactancia es intermedio y cuando las crías tenían edad similar. Los resultados sugieren que las hembras de *O. degus* no discriminan su asignación de cuidado maternal, aunque no es posible establecer si estas son incapaces de reconocer a sus propias crías.

VARIACIÓN GEOGRÁFICA EN CONDUCTAS DE ALMACENAMIENTO DE ALIMENTO EN *Octodon degus*. (Geographic variation in food hoarding behavior in *Octodon degus*). **Quispe, R.** & Vásquez, R. A. Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

En biología evolutiva se entiende por variación geográfica a la diferencia en los rasgos del fenotipo (incluyendo la conducta) entre dos o más poblaciones (o áreas distantes) de una misma especie. En este estudio, comparamos las conductas de almacenamiento de alimento de individuos provenientes de poblaciones contrastantes del roedor caviomorfo *Octodon degus*. Una población correspondió a Bocatoma-Los Molles que habita a gran altitud (2. 500 m snm) en la IV región, de clima cordillerano con inviernos muy fríos, incluyendo varias semanas bajo nieve, en donde las actividades de superficie de los *degus* se ven restringidas. La otra población estudiada habita en el valle central de Chile (Rinconada de Maipú, R. M., 450 m snm). Se llevaron a cabo experimentos de laboratorio, y se cuantificó el consumo y almacenamiento de alimento realizado espontáneamente por los individuos. Se encontraron diferencias significativas en transporte y almacenamiento de alimento entre ambas poblaciones, tanto para individuos habituados como no-habituados a las condiciones de laboratorio. Los individuos de la población de mayor altitud concentraron su almacenamiento hacia la madriguera, a diferencia de los individuos de la población del valle central, quienes almacenaron alimento en diferentes puntos. Se discuten estos resultados a la luz de las diferencias climáticas y de acceso a alimento que experimentan ambas poblaciones. (FONDECYT 1020550, P02-051-F ICM).

APRENDIZAJE ASOCIATIVO DE OLORES AFECTA EL COMPORTAMIENTO DE BÚSQUEDA DE PAREJA DEL PARASITOIDE *APHIDIUS ERVI* HALIDAY (HYMENOPTERA: BRACONIDAE). (Associative Odour Learning affects mating behaviour of *Aphidius ervi* males) **Villagra C. A.,** Vásquez R. A. & Niemeyer H M.

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

Existe muy poco conocimiento respecto al papel del aprendizaje en la búsqueda de pareja. En parasitoides la capacidad de aprendizaje olfativo ha sido caracterizada en hembras en la búsqueda de hospederos, conociéndose muy poco de las capacidades de aprendizaje del macho y su relevancia en la búsqueda de hembras.

En este trabajo se empleó el parasitoide *Aphidius ervi* desarrollado en el áfido hospedero *Acyrtosiphon pisum*, para estudiar si las respuestas conductuales del macho hacia olores puede ser alterada por condicionamiento. Como estímulo no condicionado (ENC) se empleó la experiencia de cópula con la hembra y como estímulo condicionado (EC) se utilizó tanto los compuestos volátiles de la planta del hospedero como una esencia artificial de vainilla. Las respuestas fueron probadas en olfatómetro en Y, antes del entrenamiento y después de éste. El entrenamiento duró 10 minutos, donde los machos experimentaron ENC con o sin presencia de EC. Un tercer grupo solamente fue expuesto a EC.

Los resultados mostraron la capacidad de aprendizaje olfativo del macho de *Aphidius ervi*. El contexto de estímulos olfativos presentes durante apareamiento podría, mediante aprendizaje, convertirse en señales para posteriores búsquedas de pareja.

Palabras clave: Aprendizaje Sexual, Fidelidad al Hospedero, *Aphidius ervi*.

Agradecimientos: Beca Doctoral CONICYT, Beca Apoyo Tesis CONICYT AT-4040221.

COMPROMISOS ENTRE RASGOS FISIOLÓGICOS Y RASGOS DE HISTORIA DE VIDA: ¿AYUDAN A EXPLICAR LOS PATRONES DE VARIACIÓN GEOGRÁFICA? (Trade-offs between physiological and life-history traits: can help us to explain patterns of geographical variation?). **Lardies M. A.** Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Santo Tomás, Santiago, Chile. mlardies@santotomas.cl

Los gradientes ambientales son comunes en la naturaleza y son considerados importantes por tener un claro efecto en patrones biogeográficos. Los compromisos entre rasgos han sido pensados como el resultado de la competencia entre diferentes funciones orgánicas por recursos internos limitados. ¿Están los rasgos de historia de vida ligados (arquitectura genética) a los rasgos fisiológicos en los organismos?. El objetivo de este estudio fue establecer la conexión de los rasgos de historia de vida con los costos de mantención a lo largo de un gradiente ambiental. Se utilizó como modelo de estudio el isópodo terrestre *Porcellio laevis* el cual se distribuye ampliamente en Chile. A individuos de tres poblaciones (Antofagasta, La Serena y Santiago) se le descompuso la variación de los rasgos de historia de vida y fisiológicos (tasa metabólica). Para esto, se utilizó un "animal model", tal que el fenotipo de un individuo fue escrito en términos de su varianza genética aditiva, la varianza debida a efectos ambientales generales y la correlación genética entre los distintos rasgos. Las heredabilidades son altas y significativas para el tamaño al nacer y el rendimiento reproductivo. La tasa metabólica presentó una baja heredabilidad, que solo fue significativa en Santiago. Sin embargo, lo anterior no quiere decir que no exista una unión funcional entre la tasa metabólica y los rasgos de historia de vida. Esta unión existe a manera de correlación fenotípica y de una débil correlación genética entre estos rasgos, para las poblaciones de latitudes mas bajas. Los resultados demuestran que las correlaciones entre rasgos varían entre ambientes y éstas son más fuertes en ambientes heterogéneos (alta latitud) donde probablemente la acción de la selección natural es tampeada por la presencia de plasticidad fenotípica. FONDECYT 3040042

MICROBIOLOGÍA BÁSICA

PAPEL DE LA ISLA DE PATOGENICIDAD SPI-8 DE *Salmonella enterica* serovar Typhi EN VIRULENCIA *IN VITRO* Y RESISTENCIA A DISTINTAS CONDICIONES DE ESTRÉS (The *Salmonella* pathogenicity island SPI-8 of *Salmonella enterica* serovar typhi role in virulence *in vitro* and resistance to stress conditions) **Castro, D.¹**, Fuentes, J.¹, Retamal, P.¹ y Mora, G.² ¹Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica de Chile ²Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello

S. Typhi es el causante de la fiebre tifoidea en humanos, pero los factores causantes de la enfermedad no han sido completamente identificados. La secuenciación de su genoma ha permitido reconocer regiones genómicas que son exclusivas o de restringida distribución que podrían, al menos en parte, explicar la patogenicidad de *S. Typhi*. Una de estas regiones es la denominada SPI-8. Para determinar de qué manera SPI-8 participaría en la patogenicidad de *S. Typhi*, hemos generado mutantes de distintos segmentos de la isla, las cuales han sido evaluadas en distintas condiciones de estrés y en ensayos de invasión de células epiteliales. Hemos establecido que en comparación con la cepa STH2370 wt, mutantes con deleciones completas o parciales de SPI-8 son más sensibles a distintos inductores de daño oxidativo. En ensayos de invasión y proliferación en HEP-2, hemos determinado que la falta de SPI-8 completa o parcial no afecta en forma significativa la invasión, pero si se ve claramente afectada la proliferación y la inducción de muerte celular. Estos resultados nos permiten relacionar SPI-8 de *S. Typhi* con patogenicidad *in vitro* y determinar qué segmentos de la isla están involucrados en este fenómeno. FONDECYT 1020485. Castro, Fuentes y Retamal son becarios CONICYT

REGULACIÓN FASE-DEPENDIENTE DE LA PRODUCCIÓN DE ANTÍGENO O EN *Salmonella enterica* serovar Typhi y *Shigella flexneri*. (Phase-dependent regulation of O antigen production in *Salmonella enterica* serovar Typhi and *Shigella flexneri*). **Carter, J.**, Blondel, C., Altamirano, F., Nieto, P., Salas, R., Álvarez, S., y Contreras, I. Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

El antígeno O (AgO) es el componente estructural más externo del lipopolisacárido (LPS) de las bacterias Gram negativas. En este trabajo se analizó la producción de AgO durante el crecimiento bacteriano en *Shigella flexneri*, que presenta dos modas o largos preferentes de AgO (corta y larga) y se comparó con la de *Salmonella Typhi*, que posee una sola moda. Ambas especies mostraron una regulación fase-dependiente de la síntesis del AgO, que aumentó en fase estacionaria; sin embargo, en *S. flexneri* solo aumentó la moda larga. Esta modulación correlacionó con una mayor expresión del factor de elongación RfaH, que regula la transcripción de los genes para la síntesis de AgO (operón *wba*). Una mutante Δ *rfaH* de *S. Typhi* mostró un fenotipo de LPS rugoso (carente de AgO), en cambio una mutante Δ *rfaH* de *S. flexneri* no sintetizó AgO de moda larga y produjo menor cantidad de la moda corta. Los resultados sugieren que RfaH participa en la regulación fase-dependiente del AgO tanto en *S. Typhi* como en *S. flexneri*. El efecto diferencial de RfaH sobre la producción de AgO puede explicarse por las diferencias en la organización genética del operón *wba* en ambas especies. Financiamiento: FONDECYT 1040562

CARACTERIZACIÓN GENÉTICO-FUNCIONAL DE PROTEÍNAS INVOLUCRADAS EN LA MADURACIÓN DE LA MICROCINA E492. (Genetic and functional characterization of proteins involved in maturation of microcin E492.) **Estévez*, C.¹**; Tello, M. ¹; Arbildúa, J. J.¹; Monasterio, O. ¹; Kolter, R.² y Lagos, R. ¹ Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile¹; Department of Microbiology and Molecular Genetics, Harvard Medical School². clauaes@yahoo. es

La microcina E492 es un péptido antibiótico secretado por *Klebsiella pneumoniae* RYC492. Varios genes son necesarios para la producción de una microcina activa. Mutantes en los genes de maduración, *mceC*, *mceI* y *mceJ*, secretan una forma inactiva de microcina, la cual es capaz de formar fibras amiloide. En algunos sistemas bacterianos se ha descrito que la producción de fibras amiloides promueve la formación de biopelículas. El objetivo de este trabajo fue establecer mediante análisis bioinformático, mutagénesis y crecimiento sobre superficies inertes, la función que cumplen las proteínas MceC y MceI en la maduración de la microcina E492 y en la formación de biopelículas. Para caracterizar la proteína de maduración MceC, se realizó una mutagénesis al azar con hidroxilamina sobre el gen que codifica para esta proteína y se seleccionaron 4 mutantes incapaces de complementar una mutante en el mismo gen. Para comprender la falta de funcionalidad de estas proteínas mutantes se modeló por homología MceC y se mapearon las mutaciones en la estructura tridimensional, identificándose el posible sitio de unión a enteroquelina. También se modeló la estructura de MceI, un homólogo de una aciltransferasa. Por otro lado, los experimentos de formación de biopelículas con las cepas silvestre y mutante, indican que no existe relación entre la producción de microcina activa o inactiva con la formación de biopelículas.

Proyecto FONDECYT 1020757. *Becaria CONICYT.

ANÁLISIS DE LOS DOMINIOS PEPTIDASA Y ABC DEL TRANSPORTADOR DE MICROCINA E492.

(Peptidase and ABC domains analysis of the microcin E492 exporter). **Tello M.**, Arbildúa J. J. Monasterio O. y Lagos R. Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. mcg_tello@yahoo.com

La microcina E492 es un péptido antibiótico producido por *Klebsiella pneumoniae* RYC492. Esta bacteriocina es exportada al medio extracelular por un sistema de exportación de tipo I, que consiste en un transportador ABC (MceG), una proteína accesoria (MceH) y la proteína de membrana externa TolC. El transportador MceG consta de los dominios peptidasa, transmembrana y ABC, los cuales son necesarios para el procesamiento y exportación de la microcina. A partir de un modelo 3D del transportador postulamos que los últimos cuatro aminoácidos de la región C-terminal son esenciales para energizar el transporte. Este modelo daría cuenta de la pérdida de actividad tanto de una mutante por delección como de otra de reemplazo en estos aminoácidos. Para comprobar que el fenotipo de la mutante está dado por la pérdida de la estructura secundaria formada por estos aminoácidos y no por las interacciones específicas de estos residuos, se diseñó una mutante donde se reemplazaron los aminoácidos deletados por aminoácidos que forman la misma estructura secundaria. Mediante experimentos de western blot y complementación de actividad se comprobó que esta construcción transporta microcina, lo cual demuestra la hipótesis planteada. Adicionalmente el modelo mostró que en el dominio peptidasa se ubica un residuo aspártico en el sitio catalítico que no había sido previamente identificado en este tipo de peptidasa.

Proyecto FONDECYT 1020757.

REGULATION OF SIMAZINE DEGRADATION BY

PSEUDOMONAS SP. P41 (Regulación de la degradación de simazina por *Pseudomonas* sp. P41). **Villalobos, P.**⁽¹⁾, García-González, V.⁽²⁾, Govantes, F.⁽²⁾, Santero, E.⁽²⁾ and M. Seeger⁽¹⁾. ⁽¹⁾Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile. ⁽²⁾Laboratorio de Microbiología, Universidad Pablo de Olavide, Sevilla, España.

Simazine is a member of *s*-triazine herbicides widely used in Chile to control broad-leaved weeds. *Pseudomonas* sp. P41 is a native bacterium able to degrade *s*-triazines isolated from Chilean agricultural soils. To understand the influence of nitrogen compounds on simazine metabolism of this strain, physiological and molecular analysis were performed. All catabolic *atz* genes of upper and lower atrazine pathways were detected by PCR. Additionally, regulator gene *atzR* of lower pathway was identified and sequenced. Uptake assays showed that degradation is regulated by rich nitrogen sources and by nitrogen starvation. Retrotranscription experiments showed that *atz* genes of upper pathway were constitutively expressed. However, expression of *atzDEF* operon is repressed by ammonia and induced during nitrogen starvation. *Pseudomonas* sp. P41 was shown to be amenable to genetic manipulation. Additionally, lac fusion assays confirm regulation of *atzD* gene expression. Induction of *atzDEF* operon by several nitrogenated compounds as simazine, nitrate and cyanuric acid, observed by diverse assays, suggest that the regulation in *Pseudomonas* sp. P41 differs from regulation in *Pseudomonas* sp. ADP. Studies of simazine degradation by *Pseudomonas* sp. P41 in nitrate-amended soil microcosms are in progress.

Acknowledgements: EU ICA4-CT-2002-10011, USM 130522 grants (MS), PhD fellowship MECESUP PUCV0206 (PV). +

RELACIÓN ENTRE ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA Y LIPOFILIA DE DITERPENOS (The relation between antibacterial activity and lipophilia in diterpenes), ¹Farfás, L., ²Urzúa, A. y ¹Wilkens, M. ¹Departamento de Biología, ²Departamento de Ciencias del Ambiente, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. mwilkens@lauca.usach.cl

Los diterpenos son metabolitos secundarios de plantas que poseen actividad antibacteriana principalmente frente a bacterias Gram-positivas. El mecanismo de acción de los diterpenos ácido sálvico, ácido acetil-sálvico, ácido abiótico, esclareol y 13-*epi*-esclareol es la inhibición del consumo de oxígeno, en cambio el ácido kaurenoico actúa como desacoplador de la cadena respiratoria. El efecto de los diterpenos sobre bacterias en crecimiento es bacteriostático o bacteriolítico, por lo que también podrían provocar un daño en la membrana bacteriana. En este trabajo se analizó la relación entre el mecanismo antibacteriano de los diterpenos, el grado de lipofilia y el efecto en la membrana citoplasmática. Mediante el reactivo fluorescente SYTOX Green y microscopía confocal se demostró que solo el desacoplador de la cadena respiratoria, el ácido kaurenoico, dañó la membrana bacteriana de *Bacillus cereus*. Además, se determinó la lipofilia de trece diterpenos mediante el programa computacional HyperChem Release 7.5 para Windows. Los compuestos que actúan como desacopladores de la cadena respiratoria presentaron los valores más altos de lipofilia, mientras que los que actúan interfiriendo el paso de los electrones inhibiendo el consumo de oxígeno presentaron valores intermedios de lipofilia. Los valores más bajos de lipofilia fueron para los diterpenos sin actividad antibacteriana.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1030466.

ANÁLISIS MOLECULAR DE COMUNIDADES MICROBIANAS PRESENTES EN SEDIMENTOS RICOS EN ARSÉNICO. (Molecular study of bacterial community from arsenic rich sediment). ¹Witzel, K-P., ²Campos, V., ³Yañez, J., ²Mondaca, M. A. Max-Planck Institut für Limnologie, Plön, Alemania. Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas. Departamento de Química Analítica, Facultad de Ciencias Químicas. Universidad de Concepción. mmondaca@udec.cl.

La presencia de contaminantes en el ambiente tiene un efecto sobre la abundancia y diversidad de las comunidades bacterianas. El objetivo del presente trabajo fue analizar la composición de las poblaciones bacterianas presentes en ambientes contaminados con arsénico. Se obtuvieron muestras de sedimentos de tres zonas diferentes del río Camarones (I región). A las muestras de sedimentos (I, II, III) se les determinó arsénico total. La estructura y diversidad bacteriana fue estudiada mediante la amplificación por PCR del rRNA 16S. Los productos de PCR fueron analizados por electroforesis en gel de gradiente denaturante (DGGE). Los sedimentos I, II, y III presentaron concentraciones de arsénico de 1, 3 mgL⁻¹, 0, 75 mgL⁻¹ y 0, 25 mgL⁻¹ respectivamente. Los análisis de DGGE mostraron diferencias significativas en cada sedimento estudiado, mostrando que la comunidad bacteriana de sedimento III es menos diversa y restringida a unos pocos tipos dominantes. Se puede concluir que la diversidad microbiana cambia de acuerdo al gradiente de contaminación con un aparente aumento en la diversidad en los sitios con mayor contaminación.

Financiamiento Proyecto FONDECYT 1050088.

OBTENCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS DEGRADADORAS DE POLICLOROBIFENILOS (PCBs) INCAPACES DE ACUMULAR POLIFOSFATOS INORGÁNICOS. (Development and characterization of PCB degrading bacteria unable to accumulate inorganic polyphosphate). **Chávez, F. P.**, Gordillo, F. y Jerez, C. A. Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. cjerez@uchile.cl

Los polifosfatos inorgánicos (poliP) son biopolímeros que juegan un papel importante en la resistencia ante condiciones estresantes, la regulación de la motilidad, la formación de biopelículas y otros procesos importantes para la bioremediación bacteriana. Bacterias capaces de degradar PCBs, como la *Pseudomonas sp.* B4, acumulan altos niveles de poliP en forma de gránulos en presencia de bifenilo y clorobifenilos como únicas fuentes de carbono. Para estudiar el papel del poliP en *Pseudomonas sp.* B4, diseñamos una estrategia para obtener bacterias incapaces de acumular poliP (poliP⁻) mediante la sobreexpresión del gen de la exopolifosfatasa (*PPXI*) de *Saccharomyces cerevisiae* en vectores de expresión adecuados. La sobreexpresión del gen *PPXI* fue altamente regulada por la fuente de carbono, reprimiéndose en presencia de glucosa e induciéndose en arabinosa. Mediante microscopía electrónica y ensayos enzimáticos demostramos que la sobreexpresión del gen *PPXI* en *Pseudomonas sp.* B4 disminuyó casi totalmente su contenido de poliP, incluso en condiciones de gran acumulación de poliP, con cinéticas de desaparición dependientes del medio de crecimiento y la fuente de carbono utilizada. Finalmente, la *Pseudomonas sp.* B4 (poliP⁻) no presentó motilidad ni quimiotaxis hacia diferentes compuestos que le son atrayentes.

Financiamiento: Proyecto ICM P99-031-F, Becas Doctorales DAAD (FCh) y CONICYT (FG).

BIOTECNOLOGÍA - BIOLOGÍA CELULAR

EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE SVCT1 Y SVCT2 DURANTE EL DESARROLLO EMBRIONARIO RENAL. (Differential expression of SVCT1 and SVCT2 during renal embryonic development). **Castro T.**, Nualart F. Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

Durante la vida fetal el ácido ascórbico (AA) cumple funciones como antioxidante y es un cofactor enzimático. Se transfiere al feto vía materna, sin embargo, se desconoce su mecanismo de ingreso a las células en diferenciación. Hemos analizado la expresión de los transportadores de AA, SVCT1 y SVCT2, en riñón de ratón embrionario y su comportamiento cinético en células HEK293. Análisis de RT-PCR indican que SVCT2 es el principal transportador presente en los estadios embrionarios estudiados. Los análisis inmunohistoquímicos confirman la expresión diferencial de ambos: SVCT1 se detecta débilmente desde el día embrionario 15 con una localización intracelular que cambia a apical a medida que avanza el desarrollo embrionario. SVCT2 se expresa fuertemente a partir del día embrionario 15, localizándose en la membrana apical y basolateral de las células de los futuros túbulos renales, su localización varía hacia la región intracelular al aumentar la edad gestacional. Estudios funcionales en células HEK293 muestran la presencia de un solo transportador de ascorbato, cuyos parámetros cinéticos coinciden con los descritos en literatura para SVCT2. La localización de SVCT2 en la membrana celular de los futuros túbulos renales, indica que sería este el principal transportador encargado de la captación de ácido ascórbico durante el desarrollo embrionario renal. FONDECYT 1010843, 1050095 y Beca de apoyo a Tesis Doctoral, CONICYT.

TNF- α AUMENTA LA MIGRACIÓN *IN VITRO* DE LAS CÉLULAS DE CARCINOMA CERVICO SW756 HPV18-POSITIVAS TNF- α *in vitro* migration of human HPV18-positive SW756 cervical carcinoma cells **Hidalgo, K.**, Rojas, I. G., Penissi, A. B., Rudolph, M. I Departamento de Farmacología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción.

Estudios, han señalado una relación causal entre eventos de inflamación y desarrollo de cáncer, favoreciendo la proliferación, migración celular y angiogénesis, entre otros. Siendo uno de los principales mediadores pro-inflamatorios el TNF- α , asociado a sobrevivencia y apoptosis.

Una de las neoplasias femeninas de mayor incidencia en Chile y cuya malignidad se asocia a infecciones por el virus del papiloma humano (HPV), es el carcinoma cérvico-uterino. Para evaluar la progresión del carcinoma cervical, se montó y estandarizó, como una aproximación experimental *in vitro*, un ensayo de cierre de herida, que permite analizar la participación de mediadores en la velocidad de migración celular, como la distancia entre los extremos de la herida, en el tiempo. Se utilizó como modelo de estudio las células SW-756, que corresponde a una línea de carcinoma escamoso epitelial cérvico-uterino humano HPV18 positivas. Los resultados muestran que las células SW756 poseen la habilidad de migrar, pero no de proliferar en respuesta a la herida en un medio libre de suero y suplementado con TNF- α . El cierre de la herida fue significativamente incrementado en presencia de TNF- α comparado con medio solo y en presencia del anticuerpo anti- TNF- α sugiriendo un nuevo e importante rol del TNF- α en la progresión de cáncer cervical.

Proyecto FONDECYT 1020458

EVALUACIÓN DEL ROL DE MICROTÚBULOS EN LA BIOGÉNESIS DE PEROXISOMAS HUMANOS (An evaluation of the role of microtubules in human peroxisome biogenesis). **Toro A.** y Santos M. J. Laboratorio de Bioquímica Celular y Genética, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile Financiamiento: FONDECYT 1040792

Los peroxisomas son organelos presentes en virtualmente todas las células eucariontes. Dentro de sus funciones, destacan la β -oxidación de ácidos grasos y la degradación de H_2O_2 . En la actualidad, el modelo aceptado para la biogénesis peroxisomal (BP) establece el crecimiento y división de organelos preexistentes, excluyendo una síntesis *de novo* y una participación del retículo endoplásmico. En el presente trabajo reportamos que una mutación en el gen Pex3, causa una severa afección en la BP en fibroblastos provenientes de un paciente chileno. Estas células carecen de una membrana peroxisomal discernible, y sus proteínas se localizan mayoritariamente en las mitocondrias. La transfección del gen de la proteína de fusión Pex3_{wt}-GFP (Green-Fluorescent-Protein), en estos fibroblastos, produce la aparición de peroxisomas normales. Estudios recientes han mostrado un papel importante de los microtúbulos en el inicio de la BP. Por ello, previo a la transfección, incubamos a las células defectuosas en Pex3 con Nocodazole (droga que desensambla los microtúbulos), tratamiento que no inhibió la formación de peroxisomas. Así mismo, la destinación peroxisomal de la proteína Pex3_{wt}-GFP, transfectada en fibroblastos controles tratados igualmente, no fue afectada. Nuestros datos confirman un rol esencial de la proteína PEX3 en la BP, y descartarían una participación de los microtúbulos en su función.

GENÓMICA Y PROTEÓMICA EN MACROALGAS MARINAS: IDENTIFICACIÓN DE FACTORES INVOLUCRADOS EN MECANISMOS DE TOLERANCIA A COBRE (Genomics and proteomics in seaweeds: identification of factors involved in copper tolerant mechanisms). ¹Contreras, L., ²Dennett, G., ²Moenne, A. y ¹Correa, J. A. ¹Departamento de Ecología & Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity, PUC. ²Facultad de Química y Biología, USACH.

El estudio del ecosistema marino costero afectado por altos niveles de cobre en el norte de Chile (Chañaral, III Región) ha permitido identificar algunas especies de macroalgas altamente tolerantes a este metal entre las que se encuentra *Scytosiphon lomentaria* (Phaeophyceae). El estudio a nivel bioquímico en esta especie evidenció que *S. lomentaria* tolera altos niveles de cobre mediante la activación de diversas enzimas antioxidantes y el consumo de distintos compuestos antioxidantes hidrosolubles. Utilizando técnicas moleculares, se detectó un aumento en el nivel de los transcritos de una proteína que secuestra metales (metalotincina) y de la enzima antioxidante ascorbato peroxidasa. Esto indica que distintos tipos de proteínas participan en el mecanismo de tolerancia a cobre en *S. lomentaria*. Debido a que existe escasa información sobre otros mecanismos de tolerancia a metales pesados en macroalgas, el análisis de los factores involucrados en este fenómeno a nivel genómico y proteómico en *S. lomentaria*, nos permitirán conocer los mecanismos de respuesta global al estrés oxidativo generado por metales pesados. Financiado por Programa Bicentenario-CONICYT a Red de Genómica Marina-Chile

CLONAMIENTO Y EXPRESIÓN DEL RECEPTOR DE PROLACTINA DE SALMÓN DEL ATLÁNTICO (*Salmo salar*). (Cloning and expresión of prolactin receptor from Atlantic salmon (*Salmo salar*)). **Paredes, M.**, Kausel, G. y Figueroa J. Instituto de Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Existen datos que sugieren que prolactina (PRL) y su receptor (rPRL) estarían implicados en modulación inmunológica en peces. En trucha (*Salmo trutta*), PRL está relacionada con la activación de células asesinas naturales (*natural killer cell*), producción de anticuerpos, actividad sero-hemolítica e incremento del título plasmático de inmunoglobulina M. Adicionalmente, la expresión del receptor de prolactina en leucocitos circulantes de trucha arcoiris y tilapia sugiere el papel inmunorregulador de prolactina en teleósteos.

Una estrategia de amplificación por PCR ha permitido clonar gran parte del cDNA del rPRL en *S. salar* y establecer homologías y comparaciones filogenéticas con otros rPRL de peces.

Para establecer un posible rol inmunomodulador de PRL y su receptor en salmón, se evaluó la expresión del rPRL en diferentes tejidos linfoides del pez por medio de RT-PCR e Inmunohistoquímica. Para ello se comparó peces sanos con peces desafiados a patógenos bacterianos (*Piscirickettsia salmonis* y *Vibrio ordalii*). Resultados preliminares muestran expresión del rPRL en células intersticiales de riñón anterior, riñón medio, leucocitos periféricos, bazo y tejido linfoide asociado a intestino y branquias. Se detectó además expresión diferencial entre peces sometidos a desafío y peces no desafiados. Estos resultados sugieren una posible participación de PRL y su receptor en funciones inmunomoduladoras en salmón del Atlántico. Proyecto FONDECYT 1040073.

PARÁMETROS CINÉTICOS DEL CULTIVO DE *SERRATIA FONTICOLA* PARA EL CONTROL BIOLÓGICO DE *DEROCERAS RETICULATUM*. (Growth kinetics parameters of *Serratia fonticola* for the biological control of *Deroceras reticulatum*) Gajardo, S. ¹, Oyarzún, P. ¹, Reyes, M. ¹, Zemelman, R. ¹, Canales, C. **Ñancuqueo, I.** ¹, France A. ² y Gerding, M. ². ¹Ingeniería en Biotecnología, Universidad San Sebastián, Concepción.

²Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Centro Regional de Investigación Quilmapu, Chillán.

La participación de *Serratia fonticola* para controlar biológicamente poblaciones de babosa gris (*Deroceras reticulatum*), asociada al nematodo Qu-N12 (Raza Osorno), es conocida. En este trabajo se estudió la cinética de crecimiento del microorganismo a 3 temperaturas (30°C, 35°C y 37°C), 3 velocidades de agitación (200 rpm, 250 rpm y 300 rpm), en un medio complejo (CASO) y en un medio definido, usando un diseño experimental factorial ³² en cultivo batch en shaker, esperando una biomasa estimada en 2 g/L. La biomasa bacteriana fue cuantificada por turbidimetría. En el medio complejo se obtuvo un óptimo de productividad volumétrica de biomasa de 0, 15 g/L·h a 30° C y 259 rpm. En el medio definido este óptimo fue de 0, 069 g/L·h a 30° C y 300 rpm. Además, se obtuvo un μ óptimo de 0, 81 h⁻¹ a 37° C y a 300 rpm en el medio complejo y de 0, 57 h⁻¹ a 37° C y 286 rpm en el medio definido. Se concluye que, de los medios estudiados, el medio complejo ofrece mejores condiciones para el crecimiento de este microorganismo que el medio definido. Proyecto INNOVA BIOBIO 03-B1-207-L1

RATAS BEBEDORAS TRATADAS CON UN VECTOR ADENOVIRAL QUE EXPRESA EL GEN ANTISENTIDO ANTI-DESHIDROGENASA ALDEHÍDICA DISMINUYEN SU CONSUMO DE ALCOHOL. (Rats bred as heavy alcohol drinkers reduce their consumption when treated with an adenoviral vector that expresses an anti-aldehyde dehydrogenase antisense gene). **Ocaranza, P.**^{1,2}, Quintanilla, M. E.³, Tampier, L.³, Sapag, A.², Karahanian, E.⁴, Israel Y.². ¹Programa Doctorado en Bioquímica, ²Laboratorio de Farmacoterapia Génica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, ³Laboratorio de Farmacogenética del Alcoholismo, Facultad de Medicina, Universidad de Chile y ⁴Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Diego Portales.

Una enzima crítica en el metabolismo del etanol es la deshidrogenasa aldehídica-2 (ALDH2). Los individuos con una mutación inactivante en este gen están protegidos contra el alcoholismo por un aumento en los niveles de acetaldehído circulante.

Una estrategia en estudio para tratar el alcoholismo es bajar la actividad de la ALDH2 por transducción hepática de un vector adenoviral portador de un gen antisentido de la ALDH2 (AdV-ALDH-AS). En estudios *in vitro* la transducción de células de hepatoma de rata con AdV-ALDH-AS produce una marcada disminución en la actividad ALDH2 y un aumento significativo en los niveles de acetaldehído cuando están expuestas a etanol (ver Karahanian et al; este Congreso).

En estudios siguientes se prepararon en títulos altos AdV-ALDH-AS y AdV-control. Se administraron (10^{12} pfu/kg) por vía intravenosa a ratas UChB (ratas bebedoras desarrolladas en la Universidad de Chile). Las ratas que recibieron AdV-ALDH-AS disminuyeron su consumo de alcohol en 65%, consumo que se mantuvo a niveles bajos durante 20 o más días. La administración del AdV-control no afectó el consumo de alcohol de los animales. FONDECYT 1040555, Iniciativa Científica Milenio P99-031F.

FISIOLOGÍA VEGETAL

LA DISPONIBILIDAD DE AGUA LIMITA LA TOLERANCIA AL DAÑO EN LA PLANTA *MADIA SATIVA* (water availability limits tolerance to apical damage in the tarweed *Madia sativa*) **González W. L.,** Suárez L. H., Molina-Montenegro M. A., Gianoli E. Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Casilla 160-C, Concepción-Chile. wgonzales@udec.cl

La tolerancia es la habilidad de las plantas de reducir el impacto del daño sobre su adecuación biológica. Se ha investigado intensivamente el efecto de los nutrientes sobre la tolerancia; sin embargo, las consecuencias de la disponibilidad hídrica han recibido menos atención. Evaluamos en la planta *Madia sativa* (Asteraceae) el efecto de la disponibilidad hídrica (alta y baja) sobre la tolerancia al daño apical (simulando manualmente el ataque de sus insectos herbívoros). Medimos el número de cabezuelas con semillas y el total de cabezuelas como medidas de adecuación biológica, y la tasa fotosintética, número de ramas, la razón biomasa radicular/aérea como posibles mecanismos de tolerancia. Encontramos que en alta disponibilidad hídrica, hay tolerancia al daño, y las plantas dañadas mostraron mayor producción de ramas, incremento en la tasa fotosintética, aunque se mantuvo la razón biomasa aérea/radicular en relación a las plantas sanas. En baja disponibilidad hídrica, las plantas dañadas redujeron aproximadamente 43% ambos componentes de adecuación biológica, se incrementó la producción de ramas, la tasa fotosintética se mantuvo constante, y la razón biomasa aérea/radicular disminuyó en relación a las plantas sanas. Mostramos evidencia que la disponibilidad hídrica limitó la tolerancia al daño y afectó diferencialmente los mecanismos de tolerancia en *M. sativa*.

Proyecto-postdoctoral FONDECYT-3040036

AMBIENTES LUMÍNICOS OCUPADOS POR ÁRBOLES JUVENILES EN DOS SITIOS DE PRECIPITACIONES ESTIVALES CONTRASTANTES

(Light environment occupied by tree sapling in two sites with contrasting summer precipitation) **Atala, C* & Lusk, C***

* Becario CONICYT. Depto. botánica, UDEC.

+ Macquarie University, Australia.

Se ha postulado que existe un compromiso entre la tolerancia a la sombra y la tolerancia a la sequía en las plantas. Este compromiso se basa principalmente en la incompatibilidad en la asignación de recursos sobre y bajo el suelo y a requerimientos fotosintéticos en cada caso. Si esto es cierto, las plantas de sitios húmedos deberían tolerar más sombra que plantas de sitios con algún grado de sequía. En presente estudio, se midieron los ambientes lumínicos ocupados por plántulas de tres especies leñosas: *Aextoxicon punctatum*, *Aristotelia chilensis* y *Luma apiculata*, que co-ocurren en sitios de la VII y X región. Dichos sitios difieren ampliamente en régimen de precipitación estival. Se determinó el ambiente lumínico al que crecen plantas midiendo el % de luz difusa sobre la planta. La tolerancia a la sombra fue evaluada como el percentil 5 del total de ambientes lumínicos ocupados (límite inferior). Los resultados indican que en el sitio de la X R, de mayor precipitación estival, las plántulas crecen en sitios más oscuros que en la VII R. Este resultado apoya la teoría del compromiso entre sombra y sequía.

Agradecimientos: FONDECYT 1980084, Millennium Nucleus for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity.

PROCESOS FISIOLÓGICOS AFECTADOS POR LA INFECCIÓN VIRAL EN *Vitis vinifera* (Physiological processes affected by viral infection in *Vitis vinifera*) Vega, A., Espinoza C., Medina C. y Arce, P. Facultad de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile.

Uno de los principales problemas que afectan a las vides son las infecciones virales, las cuales causan enfermedades crónicas sin que se hayan descrito reacciones de resistencia. Esta infección genera cambios fisiológicos en la planta, que se traducen en una disminución en el crecimiento, alteraciones en la maduración y calidad de los frutos, entre otros. Los síntomas que causan los virus han sido previamente descritos pero se desconocen los procesos fisiológicos involucrados en la infección. El objetivo de este trabajo es estudiar en forma global los cambios moleculares que ocurren en las vides durante las infecciones virales. Se utilizaron plantas de dos cultivares de *Vitis vinifera* (Cabernet sauvignon y Carmenere) y el Virus del Enrollamiento de la Hoja de la Vid 3 (GLRaV3). Se realizó análisis de la expresión génica en hojas provenientes de plantas sanas e infectadas. Se hibridó cRNA en el microarreglo GeneChip de Affymetrix que contiene 14000 unigenes de *V. vinifera*, realizando tres replicas biológicas para cada condición. Se identificaron 692 genes en cv Cabernet Sauvignon y 341 genes en cv Carmenere con expresión diferencial entre las plantas infectadas y las plantas sanas. El análisis funcional de estos genes indica que diversos procesos metabólicos, como también la síntesis de proteínas, la transducción de señales y la respuesta de defensa se encuentran afectados por la infección viral.

Proyecto FONDEF G02S1001

CAMBIOS VEGETACIONALES, DURANTE LOS ÚLTIMOS 77 AÑOS EN LA CUENCA DEL LAGO LAJA (VIII REGIÓN, CHILE), INFERIDOS DESDE EL REGISTRO POLÍNICO LACUSTRE: ¿IMPACTO HUMANO O CAUSAS NATURALES?. (Vegetation changes, during the last 77 years in the Laja lake basin (VIII region, Chile), inferred from lacustrine pollen record. Human impact or natural cause?) Torres L¹, Urrutia R², Parra O², Araneda A², Cruces F¹ & L Chirinos²

¹Departamento de Botánica, Universidad de Concepción.
²Centro EULA-Chile, Universidad de Concepción.

Se presentan los cambios vegetacionales durante los últimos 77 años en la cuenca del lago Laja (36° 54'S; 71° 05'O). Para esto, se analizaron los ensambles polínicos de una columna sedimentaria que fue datada con ²¹⁰Pb y ¹³⁷Cs. Los resultados muestran que la comunidad vegetal entre 1928 y 1935 estuvo dominada por el género *Nothofagus* y *Austrocedrus chilensis*. Con menor porcentaje se encontraron *Ephedra chilensis* y la familia Poaceae. Desde 1935 y hasta 1961 el componente no arbóreo domina la comunidad vegetal. Posterior al año 1961 y hasta la actualidad nuevamente los taxa arbóreos predominan en la cuenca. Desde el año 1948 aparecen en el registro taxa indicadoras de intervención antrópica como *Pinus radiata* y *Plantago lanceolata*. Durante los 77 años de estudio el influjo o tasa de acumulación de polen (granos de polen/cm²*año) experimentó cada cierto tiempo aumentos importantes en sus valores. Se concluye que los cambios estarían relacionados a factores naturales, específicamente variaciones en los niveles de precipitación, y antrópicas.

Agradecimientos: CONICYT, DIUC N° 203. 310. 35-1.

DISTRIBUCIÓN, ABUNDANCIA Y VEGETACIÓN ACOMPAÑANTE DE CUATRO ESPECIES NATIVAS ARBUSTIVAS PROMISORIAS (Abundance, distribution and associated vegetation for four native promissory species) San Martín, J¹, H. Vogel² & B. González². ¹ Instituto de Biología Vegetal y Biotecnología y Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca, Casilla 747 Talca.

La distribución espacial de las especies vegetales es modelada, entre otros factores, por la topografía, naturaleza del sustrato, clima, recursos, etc. Por otro lado, la abundancia es también controlada por la competencia, enemigos naturales y la depredación. Esta interacción es relevante cuando opera de modo silencioso y sostenido en el tiempo. La consecuencia es un impacto modificador en la abundancia y distribución horizontal.

Para cuatro especies arbustivas promisorias nativas del género *Haplopappus*, Asteraceae, se estudió su distribución y abundancia con registros de la vegetación acompañante. El objetivo es ampliar la información morfológica y cuantitativa a causa de su interés comercial y el desconocimiento de su estado en el ambiente natural. Como hipótesis se plantea que la depredación por colecta afecta la configuración espacial de las poblaciones así como la potencialidad de la regeneración y recuperación la biomasa. En las regiones III, V y VII por la ladera occidental del cordón cordillerano andino se estudiaron las poblaciones de cuatro especies de *Haplopappus* de crecimiento arbustivo y xeromorfo.

Se encontró que las especies y poblaciones se distribuyen en altitudes de 800 a 3. 800 msnm con altas temperaturas estivales y influencia permanente de viento. En 135 parcelas con una superficie total de 13. 500 m² se encontraron 3. 477 plantas. La cobertura oscila entre un 10 y 80 % encontrándose, aproximadamente, 1 individuo cada 4 metros. La diversidad varía en dirección altitudinal y latitudinal con incremento de ella y tamaño de los individuos en las especies acompañantes hacia posiciones meridionales. Si bien la topografía contribuye a una oferta de habitats de refugio, las poblaciones son igualmente buscadas, colectadas y en algunos casos ramoneadas por animales. El 80, 4 % de las plantas se encontró en estado reproductivo, pero la regeneración por semillas y el reclutamiento de individuos es prácticamente nulo.

Se concluye que la actividad de colecta es el principal factor de cambio en la abundancia y posición espacial de las poblaciones. Supuestamente los factores físicos del medio limitan la regeneración natural dado que en condiciones in situ se obtuvo germinación y sobrevivencia de las plántulas. Se sugiere intensificar los muestreos para completar el diagnóstico del estado de las poblaciones y estudiar el status de conservación de las especies.

Agradecimientos: Manfred Hermes Stiftung y Universidad de Talca

LENTO TRÁNSITO A LA HOMOGENEIZACIÓN FLORÍSTICA EN LAS ISLAS OCEÁNICAS DEL PACÍFICO SUR ORIENTAL (Slow transit toward floristic homogenization on oceanic islands of the southeastern Pacific) **Castro S.A.** & Jaksic F.M. Pontificia Universidad Católica de Chile. E-mail: scastro@bio.puc.cl.

Las islas oceánicas son ecosistemas de importancia global debido a que contienen biotas con altos niveles de endemismo. Sin embargo, la influencia humana ha modificado profundamente su composición. En este artículo evaluamos si seis islas oceánicas del Pacífico Sur Oriental se encuentran en proceso de homogeneización. Para ello, reconstituimos la composición específica de la flora original (pre-colonización europea) y actual (post-colonización europea); esta última incorporó a las especies naturalizadas y excluyó a las extintas. En ambos casos, calculamos la similitud florística utilizando el índice de Jaccard. Los resultados indican que actualmente existe un mayor número de especies compartidas entre las islas, además de un incremento en la similitud florística que en promedio fue de un 2%. Considerando la baja tasa de naturalización de plantas vasculares comparada con otras áreas continentales, así como lo reducido del incremento en similitud comparado con otros estudios, sugerimos que la velocidad relativa de este proceso es más lenta que la documentada para otros sistemas ecológicos.

Agradecimientos: SC agradece a DIPUC y fundación FUFUFAJA.

MICROBIOLOGÍA MÉDICA

LA HEMOLISINA/CITOLISINA HlyE DE *Salmonella Typhi* FAVORECE LA INVASIÓN A CÉLULAS EPITELIALES HUMANAS HEP-2 (The *Salmonella Typhi* Cytolysin/Hemolysin HlyE Promotes Invasion of Human Epithelial Cells HEP-2). **Fuentes, J.**¹, Castro, D.¹, Retamal, P.¹, Castillo, M.¹ y Mora, G.². ¹Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Andrés Bello.

Salmonella Typhi es el agente etiológico de la fiebre tifoidea en humanos, su único hospedero conocido. HlyE, el homólogo (>90% identidad) de la hemolisina/citolisina ClyA descrita por primera vez en *E. coli* K12, es el determinante genético del fenotipo de hemólisis observado en la cepa vacuna *S. Typhi* Ty21a. Aunque se sabe que HlyE es funcional en Ty21a, nunca se había visto que cepas clínicas de *S. Typhi* presentaran hemólisis. Recientemente, nuestro laboratorio reportó que efectivamente es posible ver este fenómeno en distintas cepas clínicas y en la cepa de referencia Ty2 al desestabilizar la membrana bacteriana mediante distintos métodos. Actualmente, no se conoce cuál es el papel que desempeña HlyE en la patogenicidad de *S. Typhi*. Mediante ensayos de protección a gentamicina se comparó la invasión de la cepa silvestre y de mutantes *hlyE* en células epiteliales HEP-2. Se encontró que las mutantes presentan defectos de invasión con respecto a la cepa parental. Estos datos indican que HlyE participa en la invasión de células epiteliales humanas y puede representar un nuevo factor de virulencia en *Salmonella Typhi* aún no explorado. Financiamiento: FONDECYT 1020485. J. F., D. C. y P. R. son becarios CONICYT.

POLIMORFISMO EN GENES ASOCIADOS A FACTORES DE VIRULENCIA EN CEPAS DE ACTINOBACILLUS ACTINOMYCETEMCOMITANS AISLADAS DESDE PACIENTES CHILENOS CON ENFERMEDAD PERIODONTAL (Polymorphism in genes associated to virulence factors in strains of *Actinobacillus actinomycetemcomitans* isolated from Chilean patients with periodontal diseases) **León, R.**¹, Díaz, MC.¹, Maturana, C.¹, Gamonal J.², Hidrobo, R.¹ y Vernal, R.² ¹Laboratorio de Bioquímica y Biología Oral. ²Laboratorio de Biología Periodontal, Facultad de Odontología, Universidad de Chile.

Actinobacillus actinomycetemcomitans es una bacteria Gram negativa, que ha sido implicada en el desarrollo de la enfermedad periodontal. No obstante, este microorganismo también ha sido asociado a una variedad de enfermedades sistémicas humanas como endocarditis, meningitis y osteomielitis.

Se han descrito diferentes factores de virulencia para *A. actinomycetemcomitans*, entre ellos se encuentran dos toxinas de origen proteico, Leucotoxina (LKT) y CDT (Cytolethal Distending Toxin). LKT lisa leucocitos polimorfonucleares y se ha determinado que CDT actúa sobre fibroblastos gingivales, linfocitos T y otros tipos celulares.

En este estudio se ha determinado mediante PCR-RFLP al menos 4 patrones de restricción, al digerir con *HindIII* el operon que codifica la toxina CDT.

Por otra parte, hemos encontrado tres cepas clínicas que presentan una delección en la región promotora del gen que codifica LKT. Lo que se describe como una mutación que provoca sobre-expresión del gen con asociación a un tipo de enfermedad periodontal más agresiva.

El presente trabajo corresponde al primer reporte donde se analiza a nivel molecular algunos de los factores de virulencia de esta bacteria en aislados clínicos provenientes desde pacientes chilenos.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1050518.

ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE NUEVOS COMPUESTOS POLINUCLEARES DE COBRE Y COBALTO (The antibacterial activity of new copper and cobalt polynuclear compounds) **Corsini, G.**,¹ Cortés, P.² y Atria, A. M.² ¹Facultad. Ciencias de la Salud, Universidad Diego Portales, ²Facultad Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

En búsqueda de nuevos sistemas polinucleares de metales de transición se sintetizaron tres nuevos compuestos tetranucleares de cobre (II) y un compuesto de cobalto (II), los cuales han sido caracterizados estructuralmente por técnicas de difracción de rayos X de monocristal.

Se ha determinado que los compuestos de cobre son de fórmula general $[Cu_4OCl_6L_4]$ (L=2-metil-imidazol, piridina-N-óxido, 4-fenil-imidazol, donde los átomos de cobre se encuentran en un arreglo tetraédrico dispuesto en torno a un átomo de oxígeno m_4 -oxo central. El compuesto de cobalto (II) sintetizado es una especie aniónica dimérica de fórmula $[Co_2(OH)_2(Ac)_3(Bipy)_2] \cdot K \cdot 2(H_2O)$ (Ac: acetato, Bipy: 2, 2'-bipiridina), en la cual los átomos metálicos están conectados por dos puentes m_2 -hidroxo y por ligantes acetatos. Los átomos de cobalto se encuentran una geometría octaédrica distorsionada.

Se probó el efecto antibacteriano *in vitro* de estos compuestos, empleando el método de difusión en agar con discos de papel. Los complejos de cobre con 2-metil-imidazol y piridina-N-óxido presentan actividad solo sobre bacterias Gram negativas, en cambio el complejo con 4-fenil-imidazol posee actividad tanto sobre bacterias Gram positivas como sobre Gram negativas. El complejo de Co también posee actividad antimicrobiana sobre bacterias Gram positivas y negativas con una MIC de 500 mg/mL para *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli*, y de 375 mg/mL para *Pseudomonas aeruginosa*.

LA DISTRIBUCIÓN MODAL DEL ANTÍGENO O AFECTA LA RESISTENCIA AL SUERO EN ENTEROBACTERIAS. (Modal distribution of the O antigen affects serum resistance in enterobacteria). **Bravo, D.**, Hoare, A., Carter, J., Zamorano, A., Álvarez, S., Zaldívar, M. y Contreras, I. Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

El lipopolisacárido (LPS) es el componente mayoritario de la membrana externa y constituye un importante factor de virulencia en bacterias Gram negativas. Está formado por tres dominios unidos covalentemente: lípido A, "core" y antígeno O (AgO). Se ha reportado que en bacterias Gram-negativas, las moléculas de AgO de alto peso molecular protegen contra el sistema del complemento. En este trabajo analizamos el efecto del largo preferente de cadena (distribución modal) del AgO sobre la resistencia al suero en tres enterobacterias: *Salmonella enterica* sv. Typhi, *Salmonella enterica* sv. Typhimurium y *Shigella flexneri*. *S. Typhi*, que presenta un largo preferente de 30 unidades repetidas, resultó más sensible al suero que las otras especies, que tienen una distribución bimodal del AgO con largos preferentes de 17 y 90 unidades (*S. flexneri*) y 30 y 100 unidades (*S. Typhimurium*). Las tres especies mostraron una regulación de la producción de AgO dependiente de la fase de crecimiento. Sin embargo, esta modulación afectó en forma diferencial la distribución modal, lo que afectó la sensibilidad de las bacterias a la acción lítica del suero. En conjunto, nuestros resultados apoyan la idea que la presencia de AgO de alto peso molecular dificulta la acción lítica del complemento.

Financiamiento: FONDECYT 1040562

ESTUDIO COMPARATIVO DE LA VIRULENCIA DE DOS AISLADOS CHILENOS DE *VIBRIO ORDALII*

(Comparative study on the virulence of two Chilean isolates of *Vibrio ordalii*) **Miquel A.**, Peralta G., Valenzuela P. D. T., Burzio L. O. BiosChile I. G. S. A., Fundación Ciencia para la Vida y MIFAB, Zañartu 1482, Santiago.

A mediados del año 2003, resurgió con inesperada virulencia un patógeno causante de vibriosis. La especie más afectada corresponde a salmón del Atlántico (*S. salar*) con registros de mortalidad acumulada entre un 8% a un 15% por centro de engorda en la isla de Chiloé. La bacteria asociada a vibriosis del salmón atlántico en Chile, es un bacilo Gram negativo, con un flagelo polar y altamente polimórfico.

El análisis filogenético por secuenciación del ARN 16S de dos aislados obtenidos de dos centros independientes, presentó un 99% de homología con *V. ordalii*, sin embargo, de acuerdo a los ensayos bioquímicos, no codifican para las especies de vibrio conocidas, lo que ha llevado a clasificar esta especie como un *V. ordalii* atípico, diferente al *V. ordalii* clásico que se presenta en el hemisferio norte. Ambos aislados presentan ciertas diferencias morfológicas las que son visibles a través de microscopía electrónica de transmisión. Mediante un estudio de dosis letal 50% (LD50) en salmón atlántico, se pudo establecer que uno de los aislados es altamente virulento.

En este trabajo hemos aislado, clonado y expresado los genes de flagelina (flaA), porina (OmpU) y metaloproteasa (empA) del aislado chileno virulento de *V. ordalii*. (FONDEF AQ04I1010 and DI 22-04, U. Andrés Bello).

PRESENCIA DE INTEGRONES EN BACILOS GRAM NEGATIVOS RESISTENTES A ANTIMICROBIANOS AISLADOS EN EL HOSPITAL TORRES GALDAMES DE IQUIQUE

Moraga M. R., Edgardo Santander P.,

Teresa Arias C. y *Fermín Méndez A.

Lab. Microbiología, Dpto. Cs. del Mar. U. Arturo Prat.

*Lab. clínico Hospital Torres Galdames

e-mail: rmoraga@unap.cl

Financiamiento DI-04/2004

Miembros de la familia Enterobacteriaceae y algunos bacilos gram negativos no fermentadores han adquirido gran importancia como patógenos en las últimas décadas. Estos han sido identificados como agentes causantes de infecciones en ambientes nosocomiales y de la comunidad. Por otra parte el mal uso de los antibióticos ha posibilitado la selección de cepas que presentan una elevada resistencia a los agentes antimicrobianos, esto conjugado con la existencia de elementos genéticos móviles, potencian la diseminación de esta resistencia.

En este estudio se analizaron aislados clínicos provenientes de distintos servicios del Hospital Torres Galdames, en los cuales se estudio la presencia de integrones y su asociación con el fenotipo de resistencia.

Se analizaron 88 cepas provenientes de muestras de secreciones y orina de pacientes ingresados al Hospital Regional de Iquique, durante el periodo junio-diciembre del 2004. Estas fueron identificadas por sus propiedades bioquímicas. Se determino la susceptibilidad a los agentes antibacterianos mediante el método de difusión en agar, según lo indicado por la NCCLS (2004). La presencia del gen de la integrasa (clase 1, 2 y 3) se analizo mediante PCR. Se realizo un análisis de cluster para evaluar la relación entre la presencia de integrones y el fenotipo de resistencia.

De las cepas aislados el 18% correspondieron a *P. mirabilis*, el 17% a *E. coli*, y un 14% a BGN NF. Un gran porcentaje de las cepas presento una elevada resistencia a los antimicrobianos ensayados. El 83% de las cepas fue resistente a Ampicilina, el 85% a Cefolotina, un 82% fue resistente para Ciprofloxacino, 81% a Gentamicina y el 82% fue resistente a sulfametoxazol.

De las 88 cepas el 75% de estas presentaron integrones, siendo el más frecuente el de clase 2. Al realizar un análisis de clasificación no se pudo determinar una clara relación entre los fenotipos de resistencia y la presencia de integrones.

COLONIZACIÓN DE UNA CEPA DE LACTOBACILLUS ACIDOPHILUS LVP31 POTENCIALMENTE PROBIÓTICA, EN UN MODELO VAGINAL MURINO (Colonization of probiotic *L. acidophilus* strain, in a vaginal murine model). Castro, E¹⁻², Pérez, L², Sánchez, M², Oñate, A³, Ferrer, J²⁻⁴, Montecinos, H⁵, Bórquez²⁻⁴, R. Depto. Obstetricia y Puericultura¹, Lab. Bacterias Lácticas², Depto. Microbiología³, Depto. Ingeniería Química⁴, Depto. Histología⁵. U. Concepción.

El género *Lactobacillus* se emplea cada día más para restaurar o mantener una microbiota urogenital normal. Se evaluó la capacidad de adherencia, permanencia y reacción en la mucosa vaginal de ratones BALB/c, de una cepa de *L. acidophilus* (LVP31) potencialmente probiótica. Se consideró una cohorte previamente estrogenizada, donde un grupo recibió placebo y otros, 50ml de la cepa LVP31 cada 12 y 24 horas durante dos días, a una concentración de 10⁷ UFC/50ml. Se realizaron lavados vaginales los días 1, 3, 5, 8 y 14 días post inoculación, para realizar cultivos en los medios para *Lactobacillus* spp., evaluando las propiedades de hidrofobicidad y producción de peróxido de hidrógeno de las cepas obtenidas. También se realizaron sacrificios para estudio histológico. Los resultados fueron promisorios, ya que la cepa en estudio fue capaz de adherirse y permanecer en la mucosa vaginal hasta 8 días post inoculación, conservando sus propiedades originales. En los cortes histológicos de los ratones inoculados con la cepa, se observó una respuesta inmune, sin observar ningún efecto colateral. Se dispone de una cepa de *Lactobacillus* para ser ensayada en humanos como potencial probiótico vaginal.

Investigación desarrollada con aportes del Proyecto FONDEF N°DO11121.

COMPARACIÓN DE LA ACTIVIDAD DE LA PROTEASA, HEMOLISINA Y PRODUCCIÓN DE BACTERIOCINAS EN CEPAS EN ENTEROCOCCUS AISLADAS EN HUMANOS, POLLOS Y AGUAS SERVIDAS. (Comparison of the activity of protease, hemolysin and production of bacteriocins in strains of *Enterococcus* isolated in humans, chickens and sewage samples. Silva J¹, Rodríguez Y¹, Araya J¹, Baquero F² y del Campo R². ¹Depto Tecnología Médica-INDES, Universidad de Antofagasta. E-mail: jsilva@uantof.cl. ²Departamento de Microbiología, Hospital Ramón y Cajal, Madrid, España.

Enterococcus han sido generalmente considerados como bacterias de virulencia limitada, sin embargo hoy en día, son una de las mayores causas de infecciones nosocomiales. Varios factores de virulencia han sido reconocidos en los *Enterococcus*, especialmente en *E. faecalis*. En Chile, existe escasa información acerca de los factores de virulencia presentes en *Enterococcus*. El objetivo de este estudio fue comparar las diferencias de la actividad de algunos factores de virulencia en cepas de *Enterococcus* aisladas en Antofagasta. Un total de 114 cepas de *E. faecalis* fueron seleccionadas; 52 cepas de origen clínico, 28 de pollos y 34 de aguas servidas. La actividad de la proteasa fue determinada en agar tripticasa con 1,5% de leche descremada, hemolisina en agar tripticasa con 5% de sangre de cordero y bacteriocinas por medio de 22 cepas indicadoras diferentes. El mayor factor de virulencia correspondió a la producción de bacteriocinas 52,6%, seguidas de la actividad proteasa 47,4% y menor proporción la hemolítica 24,6%. En las cepas de *E. faecalis* de origen clínico se encontraron valores más altos para bacteriocinas 69,2%, en las cepas de pollos fueron las proteasas 71,4% y en las cepas de aguas servidas se detectaron hemolisinas 35,3%. Los 3 factores de virulencia juntos; bacteriocinas, hemolisinas y proteasas fueron encontrados solamente en cepas clínicas de *E. faecalis*. Se concluyen que cepas de *E. faecalis* en el norte de Chile presentan factores de virulencia que contribuyen a su patogenicidad.

Financiamiento: Proy. PROIM1357, DINV, Univ. De Antofagasta y Fundación Andes C-.

ECOLOGÍA VEGETAL

LOS EFECTOS DE ARBUSTOS, HERBIVORÍA Y LLUVIA EN LA ESTRUCTURA Y DINÁMICA DE PLANTAS EFÍMERAS EN UN ECOSISTEMA COSTERO SEMIÁRIDO DEL NORTE-CENTRO DE CHILE. (The effects of shrubs, herbivory and rainfall on the structure and dynamics of ephemeral plants in a coastal semiarid ecosystem of north-central Chile). **Gutiérrez, J. R.**^{1,2}, Squeo, F. A.^{1,2}, Aguilera, L. E.¹, Meserve, P. L.³ & Kelt, D. A.⁴. ¹Universidad de La Serena, ²Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas, ³Northern Illinois University, USA, ⁴University of California, Davis, USA.

Analizamos los efectos simples y combinados de arbustos, herbivoría y lluvia en la estructura y dinámica de plantas efímeras (i. e., anuales y geofitas) en el Parque Nacional Bosque Fray Jorge, IV Región, Chile por dos años (2003-2004). Este parque está protegido de pastoreo desde 1941. La cobertura arbustiva en el sitio de estudio es de 60%. Las especies arbustivas dominantes son: *Porlieria chilensis*, *Adesmia bedwellii* y *Proustia pungens*. Ellas difieren en forma, densidad foliar, cobertura del follaje y sistemas radicales. Este parque tiene también un ensamble diverso de micromamíferos mayoritariamente herbívoros. Mostramos que los efectos simples y combinados de arbustos, herbivoría por micromamíferos y la variación temporal de las lluvias dan cuenta de la alta diversidad de especies de plantas efímeras en este sistema. Evaluamos la importancia relativa de estos tres factores usando un diseño factorial y una aproximación experimental. Diferentes especies arbustivas generan parches de diferente calidad ambiental (e. g., microclima, nutrientes y humedad de suelo), proveyendo sitios adecuados para diferentes ensambles de plantas efímeras. La lluvia anual da cuenta de la variación temporal de los ensambles de plantas efímeras, pero la variación espacial de estos ensambles de plantas está determinado por la presencia de diferentes especies de arbustos. Las respuestas de las plantas efímeras a las lluvias dependen de la abundancia de herbívoros. Financiado por Proyecto FONDECYT 1030225

IMPACTO DE PLANTAS INVASORAS EN LA CORDILLERA DE LOS ANDES: ¿ESTARÁN ALTERANDO EL SERVICIO DE POLINIZACIÓN PARA PLANTAS NATIVAS? (Impacts of invasive plants in the Andes: could they be altering pollinator service to native plants?). **Muñoz, A. A.** ECOBIOSIS, Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

Invasiones biológicas son componentes claves de cambio global, potencialmente amenazando la biodiversidad. Por ende, resulta crucial entender sus efectos sobre comunidades nativas. Estoy evaluando los impactos de *Taraxacum officinale* (Asteraceae), planta introducida con capítulos florales vistosos, sobre la visita de polinizadores y producción de semillas en especies nativas en los Andes de Chile central. Basado en 510 observaciones de 15min y experimentos manipulativos en Valle Nevado a 2800 m. s. n. m. (verano 2004-2005), aquí reporto sobre el grado de sobreposición de polinizadores entre *Taraxacum* y 5 especies nativas co-ocurrentes con capítulos florales comparables (2 *Hypochoeris*, *Haplopappus antilloides*, *Perezia carthamoides*, *Senecio bustillosianus*), comparo sus tasas de visita sobre *Taraxacum* vs. nativas, y determino si las nativas dependen de la visita de polinizadores para producir semillas. Hubo moderada/alta similitud en la diversidad de polinizadores (30-60%) entre nativas y *Taraxacum*, incluyendo abejas (Andrenidae, Megachilidae) y moscas (Syrphidae, Tachinidae, Bombyllidae). La tasa promedio de visitas sobre *Taraxacum* fue de 0,94 individuos/15min, siendo similar a aquellas sobre las nativas. La producción de semillas dependió de la visita de polinizadores, siendo en ausencia experimental de polinizadores <1,3% comparado con 19-55% en plantas control. *Taraxacum* probablemente está afectando la polinización y reproducción de plantas nativas aledañas, ha evaluarse experimentalmente prontamente. Agradecimientos: FONDECYT N°3050054

HÁBITO TREPADOR COMO ESTRATEGIA DE ESCAPE A LA HERBIVORÍA EN *CONVOLVULUS CHILENSIS* (CONVOLVULACEAE). (Climbing habit as an escape strategy to herbivory in *Convolvulus chilensis* (Convolvulaceae)). **González-Teuber, M.**, Suárez, L. H., Cavieres, L. A., Gianoli, E. ECOBIOSIS, Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Casilla 160-C, Concepción, Chile.

Las plantas pueden presentar patrones de crecimiento que minimicen el impacto de la herbivoría. Se ha sugerido que un crecimiento erecto podría disminuir el daño por herbívoros, y por lo tanto sería más beneficioso que un crecimiento postrado. *Convolvulus chilensis* es una especie que crece tanto en forma rastrera como trepadora, y que sufre altos niveles de herbivoría en condiciones naturales. Se evaluó el efecto del daño simulado sobre atributos morfológicos y reproductivos en individuos creciendo en dos ambientes lumínicos. Adicionalmente, se evaluó el efecto del daño y de la luz sobre la capacidad de enredo de los individuos. Se encontró que *C. chilensis* fue tolerante al daño en términos de supervivencia y reproducción. Por otra parte, el daño solo afectó la probabilidad de enredo de los rebrotes de los individuos, mientras que la sombra, en forma independiente, promovió el enredo de los tallos principales. Las plantas trepadoras presentaron mayor adecuación biológica que las plantas rastreras. Se concluye que el daño aumenta las probabilidades de que una planta de *C. chilensis* se enrede, considerándose esto como una estrategia de escape al daño, y que a la vez es beneficioso para la planta en términos de adecuación biológica. Fondecyt 1030702 y CMEB P02-051-F ICM.

MANEJO DE BOSQUE NATIVO EN LA ISLA DE CHILOÉ: EFECTO SOBRE LA MINERALIZACIÓN DE NITRÓGENO Y NITRIFICACIÓN EN EL SUELO.

(Native forest management in Chiloé island: effect on soil nitrogen mineralization) **Tejo, C. F.**, Pérez, C. A., Armesto, J. J., Sagredo, V. & Carmona, M. R. Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity. P. Universidad Católica de Chile; Fundación "Senda Darwin". Patrocinio: Dr. Juan J. Armesto

Actualmente, los bosques templados de la Isla de Chiloé están siendo alterados a través del manejo forestal reduciendo la cobertura del dosel y extrayendo ciertas especies de valor maderero. Nuestro objetivo es evaluar los efectos de éstas prácticas sobre la circulación de nitrógeno, particularmente la mineralización, nitrificación y disponibilidad de N en suelos forestales. Este estudio fue realizado en la localidad de Melleico, al oeste de Chonchi, en una cuenca con bosques tipo Valdiviano. Se realizaron ensayos en dos niveles de profundidad del suelo, en bosques manejados e intactos, en cuencas adyacentes. Además evaluamos la importancia relativa de la nitrificación auto y heterotrófica en bosques manejados y control mediante ensayos de laboratorio. Resultados preliminares indican que no hay diferencias significativas en los niveles de N inorgánico disponible en suelo entre bosques en ninguno de los horizontes ($t=0,029$, $P=0,978$: suelo superficial; $t=0,883$, $P=0,441$: suelo profundo). Esto sugiere que la corta selectiva no tendría efecto sobre la disponibilidad de N en el suelo, aunque se requiere documentar los efectos a más largo plazo.

Fondecyt - Fondap 1501-0001 e Iniciativa Milenio (CMEB).

VARIABILIDAD ESPACIO-TEMPORAL EN LA COMPOSICIÓN ELEMENTAL DE *Tillandsia*

***landbeckii* EN UN GRADIENTE COSTERO** (Spatio-temporal variability of elemental composition of *T. landbeckii* in a coastal gradient). **González, A.**, Marquet, P., Fariña, J. M.¹, Pinto, R., Armesto, J. & Pérez, C.¹. CASEB, Depto. Ecología, PUC, Santiago. 'algonzag@bio.puc.cl. Equipo de Estudios de Ecosistemas de Niebla. Iquique.

Patrocinio: Dr. Pablo Marquet

La limitación de nutrientes, principalmente nitrógeno parece ser el factor determinante de la productividad en ecosistemas terrestres. Se ha planteado que la composición elemental y C: N: P de la vegetación puede ser un indicador del tipo de nutriente limitante para el crecimiento de las plantas en distintos ecosistemas.

Nuestro objetivo en este trabajo fue determinar la composición elemental de un organismo en función de la disponibilidad de nutrientes a lo largo de un gradiente. Para esto, estudiamos distintas formaciones de *Tillandsia landbeckii*, a lo largo de un gradiente de neblina y nutrientes, ya que *T. landbeckii* carece de raíces y obtiene toda la humedad y nutrientes de la neblina costera. Esta especie forma comunidades denominadas "Tillandsiales", las cuales se orientan de acuerdo a la penetración de la niebla.

T. landbeckii presenta diferencias significativas para N, Ca y K entre sitios, mostrando mayores concentraciones de nutrientes en sitios más cercanos a la entrada de neblina. La C: N y N: P fluctúa alrededor de 140 y 150, respectivamente. Aunque solo se observan diferencias significativas para C: N, se sugiere que tanto N como P son limitantes para su crecimiento. Debido a su dependencia de la neblina, *T. landbeckii* podría usarse como bioindicador de cambios en los aportes atmosféricos de agua y elementos como nitrógeno, y por ello un modelo apropiado para estudiar las interacciones océano-atmósfera-tierra.

Agradecimientos: FONDAP 1501-0001, CONICYT 24050045.

RESPUESTA DE LA REGENERACIÓN ARBÓREA EN CLAROS LUEGO DE 10 AÑOS DESDE LA FLORACIÓN Y MUERTE DE *CHUSQUEA QUILA* (Tree regeneration responses in gaps after 10 years since the flowering and death of *Chusquea quila*) **Muñoz, A.** y González, M. E. Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

En bosques remanentes originales ubicados a bajas elevaciones en la zona centro-sur de Chile, *Chusquea quila* es considerada una especie clave para la regeneración de las especies arbóreas. Su floración y muerte masiva ocurren después de un extenso periodo vegetativo, constituyendo una alteración endógena de gran escala. El principal objetivo de este estudio fue determinar la influencia de la muerte del bambú en la dinámica regenerativa en claros luego de ocurrido el evento. Para esto se seleccionaron seis claros densamente cubiertos por bambú. En cada uno se identificó la regeneración arbórea establecida antes y después de su floración, monitoreando los cambios demográficos y de crecimiento en altura durante las siguientes estaciones de crecimiento. La regeneración avanzada se compuso principalmente de especies tolerantes como *Aextoxicon punctatum*, *Laureliopsis philippiana* y *Amomyrtus luma*. Los individuos originados de raíz de *L. philippiana*, *Eucryphia cordifolia* y *A. luma* mostraron las mayores tasas de crecimiento y una menor mortalidad. Por su parte, la respuesta de los nuevos reclutamientos estuvo dominada por individuos originados de raíz de las especies *E. cordifolia*, y *L. philippiana*, las que presentaron una mayor sobrevivencia y crecimiento en altura. Inicialmente, *Nothofagus obliqua* se estableció abundantemente en los claros, sin embargo, ningún individuo fue capaz de sobrevivir a la competencia de la nueva cohorte de bambú.

Agradecimientos: IFS (D/3124-2)

¿EXISTE ZONACIÓN EN LA DISTRIBUCIÓN ESPACIAL DE HIERBAS NATIVAS Y EXÓTICAS EN EL MATORRAL DE CHILE CENTRAL? (Does spacial zonation between native and alien herbs in the matorral of central Chile exist?). **Guzman, D.**, Villavicencio, N., Castro, S. A., Jaksic, F. M. Pontificia Universidad Católica de Chile. E-mail: dguzman2@puc.cl

El matorral de Chile central está formado por un conjunto de hierbas exóticas y nativas. Aunque existen escasos estudios acerca de la ecología de este sistema, se acepta la existencia de un patrón de zonación microambiental, en el cual las especies nativas crecen principalmente bajo el dosel arbustivo, mientras que las hierbas exóticas lo hacen en espacios abiertos. En este trabajo evaluamos esta hipótesis mediante el estudio de la distribución espacial de hierbas en una comunidad de Chile central (Estación de Investigaciones Ecológicas Mediterráneas, EDIEM). Este estudio se inserta en una iniciativa más extensa, en que esperamos analizar el ciclo estacional completo de la distribución espacial de especies de hierbas en Chile central. Un número de 40 cuadrantes fueron distribuidos equitativamente en condiciones de bajo y entre arbusto. Al interior de cada cuadrante se determinó el número y cobertura relativa de las especies presentes. Utilizando una tabla de contingencia analizamos la asociación entre el origen geográfico (exótico o nativo) y su distribución espacial (entre o bajo arbusto). Los análisis muestran que la distribución de hierbas, aunque responde a patrones de zonación, no está asociada a su origen biogeográfico. Sugerimos en cambio que estos patrones serían resultados de las características de cada especie.

FLUJO DE NITRÓGENO EN UN ECOSISTEMA NATURAL (*Nothofagus obliqua*) Y UN ECOSISTEMA ARTIFICIAL (*Pinus radiata*) EN LA DEPRESIÓN INTERMEDIA DEL CENTRO SUR DE CHILE (Nitrogen fluxes in a natural-ecosystem (*Nothofagus obliqua*) and artificial-ecosystem (*Pinus radiata*) in the central valley of southern Chile) **Pröschle, J. C.**⁽¹⁾, Oyarzún, C.⁽²⁾ y Godoy, R.⁽³⁾ Instituto de Geociencias, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Independencia 641, Valdivia. (juanproschle@uach.cl⁽¹⁾; coyarzun@uach.cl⁽²⁾) Instituto de Botánica, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. rgodoy@uach.cl, socio-Soc-Bio. ⁽³⁾Patrocinio FONDECYT N°1030344

Se realizaron mediciones en dos parcelas experimentales ubicadas en Paillaco, (40°07'S-72°51'O): un bosque de *Nothofagus obliqua* y una plantación de *Pinus radiata*. Se midieron concentraciones ($^{\circ}\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$) de $\text{NH}_4\text{-N}$, $\text{NO}_3\text{-N}$ y N-orgánico, en muestras de agua (junio-2003-febrero-2004) de precipitación, precipitación directa, escurrimiento fustal, infiltración y percolación. Con los volúmenes ($\text{L}\cdot\text{m}^{-2}$), se establecieron los flujos de nitrógeno ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$).

Las precipitaciones aportaron valores normales ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) para zonas no contaminadas del mundo ($1.2\text{N}_{\text{inorg}}$ y 0.6N_{org}). En ambos ecosistemas los flujos de $\text{NO}_3\text{-N}$ aumentaron significativamente en la precipitación directa, por efectos antrópicos expresados en la depositación atmosférica.

En la parcela de *P. radiata* aumentó el N-Inorgánico infiltrado, confirmando la mayor circulación de N_{inorg} en ecosistemas alterados, por la interrupción de acumulación de materia orgánica (largo-plazo) y procesos de humificación. A 80cm de profundidad las salidas de nitrógeno son cercanas a cero. El balance hídrico unido a las propiedades físicas del suelo detectaron una fracción de escurrimiento superficial (266mm), en donde se producen las mayores pérdidas del sistema, estimadas en $3.2\text{kg}\cdot\text{N}_{\text{inorg}}\cdot\text{ha}^{-1}$, y $1.6\text{kg}\cdot\text{N}_{\text{org}}\cdot\text{ha}^{-1}$.

NEUROBIOLOGÍA

EFFECTOS DE SEROTONINA Y DOPAMINA SOBRE NEURONAS AISLADAS DEL GANGLIO PETROSO DE CONEJO (Effects of serotonin and dopamine on isolated rabbit petrosal ganglion neurons). **Valdes, V., Vargas, R. V., Alcayaga, J.** Lab. Fisiología Celular, Fac. Ciencias, Universidad de Chile.

El ganglio petroso (GP) posee los somas de las neuronas que inervan el cuerpo carotídeo (CC), a través del nervio carotídeo. La actividad quimiosensorial es desencadenada por transmisores liberados desde las células receptoras del CC, como resultado de la transducción. Tanto dopamina como serotonina han sido propuestos como posibles neurotransmisores, pero su papel en la generación de la actividad aferente es aún controversial. Por estas razones, caracterizamos las respuestas inducidas por dopamina y serotonina en neuronas del GP.

Los GPs se extrajeron de conejos anestesiados, se disociaron enzimáticamente y se cultivaron por 3-16 días. Registramos, utilizando la técnica "patch-clamp" en modalidad de célula completa, las corrientes evocadas por dopamina y serotonina, y su bloqueo por antagonistas específicos.

Tanto dopamina como serotonina evocaron corrientes de entrada, dosis-dependiente, en ^a 70% de las neuronas estudiadas. Ambas corrientes fueron bloqueadas por tropisetron (10 nM), un antagonista de receptores serotoninérgicos del tipo 5-HT₃. Sin embargo, la aplicación de domperidona (10 nM), un antagonista de receptores dopaminérgicos del tipo D₂, no modificó las corrientes evocadas por dopamina.

Estos resultados sugieren que tanto dopamina como serotonina actuarían sobre receptores del tipo 5-HT₃ en neuronas aisladas de ganglio petroso de conejo.

Financiamiento: FONDECYT 1040638.

SOBRE-EXPRESIÓN DE RECEPTORES ADRENÉRGICOS α_{2C} Y DÉFICIT DE POTENCIACIÓN DE LARGO PLAZO NEOCORTICAL INDUCIDOS POR "MALNUTRICIÓN OCULTA" PRENATAL (α_{2C} adrenoceptor overexpression and deficits of neocortical long-term potentiation induced by prenatal hidden malnutrition). **Mondaca, M.¹, Valladares, L.¹, Sierralta, W.¹, Hernández, A.², Pérez, H.¹, Soto-Moyano, R.¹** ¹INTA, Universidad de Chile, ²Fac. Quím. Biol., USACH.

La malnutrición proteica suave (malnutrición oculta) durante la gestación es capaz de inducir sobre-expresión del adrenoceptor α_{2C} en la neocorteza de las crías, como también déficits en la capacidad de las neuronas corticales para generar y mantener potenciación de largo plazo (LTP). Se investigó en ratas adultas sometidas a esta forma de malnutrición prenatal: (i) el efecto de la administración i. p. del antagonista selectivo α_{2C} atipamezole en la LTP neocortical inducida in vivo mediante shocks tetanizantes; y (ii) el efecto de la administración crónica intracortical de un oligonucleótido antisentido contra el RNAm que codifica para el adrenoceptor α_{2C} , tanto en la densidad del receptor determinada mediante técnicas de radioligando (³H-rauwolscina) como en la LTP neocortical. Los resultados muestran que (1) atipamezole (1.2 mg/kg i. p.) restauró la capacidad de las neuronas corticales para inducir y mantener LTP; (2) la administración intracortical del oligonucleótido disminuyó en alrededor de 50% la densidad de adrenoceptores α_{2C} y al mismo tiempo restauró la LTP neocortical. Se sugiere que la sobre-expresión neocortical de receptores α_{2C} y los déficits de LTP asociados que presentan los animales malnutridos, pueden estar en la base de los trastornos cognitivos que acompañan a esta forma de malnutrición.

FONDECYT 1030729

ÁCIDO DESHIDROASCÓRBICO PREVIENE LA MUERTE CELULAR EN NEURONAS INMORTALIZADAS (*Dehydroascorbic acid prevents cellular death in immortalized neurons*). **Astuya A.,** García M. los A., Nualart. F. Departamento de Biología Celular, Universidad de Concepción.

Se ha postulado que la forma oxidada de la vitamina C, el ácido deshidroascórbico (DHA), presenta un efecto protector frente a la muerte celular inducida por ROS en diferentes líneas celulares. Sin embargo, este efecto no ha sido evaluado en líneas neuronales inmortalizadas, que sobreexpresan transportadores de glucosa involucrados en la incorporación de DHA. Evaluamos la expresión y función de GLUT1 y la correlacionamos con el efecto de DHA en la muerte celular inducida por H₂O₂ en cultivos primarios de neuronas de ratón, neuronas transformadas HN33.11 y células de neuroblastoma N2a. Los análisis inmunocitoquímicos y funcionales confirman un incremento significativo de la expresión de GLUT1 y de la incorporación de DHA en neuronas transformadas en relación a las normales. Además, las neuronas mostraron un mayor daño al tratamiento con H₂O₂, comparado con las células inmortalizadas. La preincubación con DHA, no tuvo un efecto significativo en la muerte celular inducida por H₂O₂, sin embargo se observó protección al realizar cotratamientos y postratamientos con DHA. Estos resultados sugieren que la sobreexpresión de GLUT1 y aumento de la incorporación de DHA en neuronas inmortalizadas y de neuroblastoma, previenen la muerte por daño oxidativo.

Proyecto FONDECYT 1050095, CONICYT tesis doctoral.

ACCIÓN DE LA VITAMINA C Y EXPRESIÓN DEL TRANSPORTADOR SVCT2 EN CÉLULAS TRONCALES DEL SNC (Vitamin C action and SVCT2 expression in CNS stem cells) **Silva-Alvarez C.**, Nualart F. Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

La glia radial es una célula fundamental para el desarrollo del sistema nervioso central por su participación como guía para la migración neuronal y como precursor de astrocitos y neuronas. Esta célula se caracteriza por su morfología bipolar que toma contacto con la superficie ventricular y la región submeníngea. Actualmente, se desconocen los factores que promueven la diferenciación radial, no obstante, diferentes antecedentes sugieren la participación de moléculas provenientes de las meninges y/o factores solubles presentes en el LCR, como la vitamina C. No existen estudios que permitan definir el mecanismo por el cual la glia adquiere la vitamina C. Tampoco se conoce si los transportadores involucrados se localizan en la región ventricular o meníngea. Ensayos de inmunolocalización en ratones de E11-E18 días de gestación con anticuerpos específicos para la glia radial y para el transportador de vitamina C SVCT2, demuestran que este transportador se expresa preferentemente en la región ventricular de la corteza cerebral. Mediante hibridación *in situ* en cerebro de ratones E15, se confirmó la expresión del mRNA para SVCT2 en la glia radial. Para analizar la diferenciación radial *in vitro*, se caracterizaron cultivos primarios corticales incubados con vitamina C y/o cocultivos con meninges. La vitamina C y las células de las meninges promovieron la diferenciación radial. Proyecto FONDECYT 1050095.

PRODUCTOS SECRETADOS DESDE CÉLULAS INFECTADAS CON HTLV-I PRODUCEN ACORTAMIENTO DE NEURITAS DE CULTIVOS NEURONALES DE RATA. (Secreted products from HTLV-I infected cells produce neurite shortening of rat neuronal cultures). **Cruz¹, C. F., Ramirez², E., Caviedes³, P., García¹, A., Valenzuela¹, M. A.** ¹Departamento Bioquímica-Biología Molecular, Fac Ciencias Químicas-Farmacéuticas, Universidad de Chile. ²Instituto de Salud Pública. ³ICBM, Fac Medicina, Universidad de Chile.

El retrovirus humano HTLV-I ocasiona una enfermedad neurodegenerativa llamada Paraparesia Espástica Tropical, que se caracteriza por un deterioro de los axones de la vía piramidal, produciendo pérdida de movilidad en las extremidades inferiores de las personas afectadas. El mecanismo patogénico no ha sido dilucidado completamente.

En nuestro laboratorio se ha propuesto utilizar como modelo de estudio una línea celular de médula espinal de rata (M4b). Se estudió la capacidad de una línea celular linfocitaria infectada con el retrovirus (MT2) de producir cambios en la morfología de la línea neuronal M4b.

Al hacer cocultivos se permitió el contacto entre ambas líneas celulares y se encontró un acortamiento de las neuritas de las células M4b, lo que fue dependiente del tiempo del estímulo. Al realizar cocultivos sin contacto (separando ambas líneas celulares con una membrana semipermeable), o adicionar el medio condicionado de las células MT2 sobre el cultivo de M4b, se observó también acortamiento neurítico, aunque en una menor población de células. Esto permite inferir que los linfocitos infectados secretan factores que pueden tener relevancia en el mecanismo patogénico de la enfermedad.

Financiamiento: Proyecto Fondecyt 105-0784

EFFECTO DE INTERLEUCINA 1b EN LA TRANSMISIÓN NOCICEPTIVA ESPINAL DE RATAS INTACTAS Y TRATADAS CON PROPENTOFILINA (Effect of interleukin 1b on spinal nociceptive transmission of intact and propentofylline-treated rats). **Hernández, A., Arriagada, O., Constandil, L., Laurido, C.** Laboratorio de Neurobiología, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Las citoquinas espinales están involucradas en los mecanismos de mantención y exageración del dolor crónico. Se estudió el efecto de la administración intratecal de interleucina 1b (IL-1b) en ratas intactas o tratadas con el neurotóxico glial propentofilina (10 mg/10 ml i. t., una vez al día durante 10 días) sobre el "wind-up" espinal evaluado mediante el paradigma del reflejo nociceptivo C. Los resultados mostraron que la administración i. t. de 2 ng de IL-1b no produjo cambios significativos en el reflejo C en ratas intactas o tratadas con propentofilina, mientras que esta misma dosis produjo un incremento de 80% de la actividad wind-up en ratas intactas y una disminución de 30% en el wind-up de las ratas tratadas con propentofilina. Se concluye que: (i) los receptores IL-1 relevantes a la nocicepción estarían localizados en la glia; y (ii) los mediadores gliales jugarían un rol en los mecanismos neurobiológicos de generación y/o mantención del wind-up espinal en la rata normal.

DICYT 020343HK

ENSAMBLAJE DE COMPLEJOS MACROMOLECULARES DE LA ZONA ACTIVA DURANTE LA SINAPTOGENESIS (Assembly of a Macromolecular Active Zone Complex During Synaptogenesis). **Torres V. I. ***, Galaz J, Leal S y Garner CC. Facultad Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta* y Psychiatry and Behavioral Sciences, Stanford University, California.

La formación de sinapsis durante el desarrollo del cerebro es vital para el funcionamiento normal del sistema nervioso central. La zona activa (ZA) presináptica está formada por varios complejos proteicos, sin embargo, se desconoce dónde estos se forman. Existen dos posibilidades: a) las proteínas podrían ser depositadas una por una a la zona activa o b) podrían ser depositadas como complejos pre-ensamblados en sinapsis inmaduras. En este trabajo hemos estudiado la distribución subcelular de cuatro proteínas de la ZA que se encuentran en un complejo en ZA maduras: Piccolo, Bassoon, RIM y ERC. Para entender cuando y donde estas proteínas establecen contacto utilizamos una combinación de estrategias bioquímicas y moleculares. Por medio de fraccionamiento subcelular estudiamos la distribución de las proteínas durante el desarrollo cerebral. Encontramos que ellas cambian su distribución durante el desarrollo. Inicialmente se asocian a membranas de densidad ligera e intermedia y luego en cerebros maduros se asocian a membranas de mayor densidad. Sorprendentemente, la asociación a la membrana ligera desaparece durante el desarrollo y esta ausente en cerebros adultos. Estudios de inmunoprecipitación con anticuerpos para Piccolo, desde la membrana ligera co-inmunoprecipitó a Bassoon, RIM y ERC, indicando asociación de estas proteínas antes de la formación de las sinapsis. Por medio de estudios de inmunofluorescencia en neuronas hipocámpales en cultivo hemos determinado la distribución espacial de estas proteínas en diferentes estadios de maduración neuronal. Los resultados sugieren que las proteínas establecerían contacto a nivel del Golgi y de conos de crecimiento axonal. La expresión de unas de estas proteínas en neuronas por un sistema lentiviral arrojó resultados similares. Resumiendo, la zona activa presináptica parece ser pre-ensamblada en estructuras que difieren de uniones sinápticas maduras.

DECONSTRUYENDO LA SINAPSIS A TRAVÉS DE RNA INTERFERENCIA (RNAi) MEDIADO POR VECTORES LENTIVIRALES. Deconstructing synapses by RNA interference (RNAi) mediated by lentiviral vectors. Leal S¹, Torres V.², Garner C¹, **Zamorano P.²**
¹Pritzker Laboratory, Dept. Psychiatry, Fac. Medicine. Stanford University, CA, USA. ²Dpto. Biomédico, Fac. Ciencias de la Salud, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile.

La sinapsis químicas del sistema nervioso central son especializaciones de membranas involucradas en la transmisión de información intercelular. Trabajos llevados a cabo durante la última década revelan que la estructura molecular de estas especializaciones están formadas por cientos de proteínas, sin embargo, la función específica de muchas de estas proteínas y su rol en la sinapsis es aún desconocida. En este trabajo presentamos el desarrollo de vectores lentivirales para la expresión de shRNAs (short hairpins RNAs) con el propósito de inhibir la expresión de proteínas presinápticas por RNAi. Como modelo de prueba hemos considerado la proteína de andamio presináptica Piccolo, con el fin de determinar su rol en el reclutamiento de otras proteínas a la sinapsis y en la formación de las zonas activas. Inhibición de la expresión de Piccolo por RNAi resulta en una marcada disminución en el reclutamiento de otras proteínas a la zona activa determinado por inmunofluorescencia. Estos estudios sugieren que RNAi mediado por vectores lentivirales es una buena aproximación para el estudio de la función de diferentes proteínas en la sinapsis. Además, estos estudios sugieren que Piccolo juega un rol importante en la formación de las zonas activas.

MICROBIOLOGÍA AMBIENTAL II

CARACTERIZACIÓN DE *VIBRIO PARAHAEMOLYTICUS* EN MUESTRAS CLÍNICAS Y DE MARISCOS DURANTE LOS DOS GRANDES BROTES DE DIARREA OBSERVADOS LOS DOS ÚLTIMOS VERANOS EN CHILE (*Vibrio parahaemolyticus* in clinical and shellfish samples obtained at the midst of the two large outbreaks observed in Chile, 2004 and 2005). **Toro¹ J.**, Hernández² C., Fuenzalida¹ L., Rioseco³ M. L., Romero¹ J., and Espejo¹ R T. jessica.toro@gmail.com. (Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile, Santiago¹. Laboratorio del Ambiente Llanquihue, Secretaría Regional Ministerial de Salud, Puerto Montt². Hospital Regional de Puerto Montt, Puerto Montt³, Chile.)

Hasta hace poco las diarreas causadas por *V. parahaemolyticus* eran poco frecuentes y solo se observaban esporádicamente en el norte de Chile durante el verano. La baja frecuencia de infección en el Sur de Chile se asociaba a las bajas temperaturas del agua costera. Sin embargo, en los dos últimos años se observaron grandes brotes de diarrea asociados al consumo de mariscos en la X Región. Se encontraron aproximadamente 1500 casos clínicos durante el año 2004 y 3600 casos en el año 2005 solo en esta región. Para estudiar esta nueva situación, analizamos las composiciones de la población de *V. parahaemolyticus* en muestras clínicas y de mariscos obtenidas durante los brotes. Anteriormente habíamos demostrado que el brote ocurrido el 2004 había sido causado por una cepa particular de *V. parahaemolyticus*, conformada por un clon serotipo O3: K6, que emergió en el Sudeste Asiático en 1996. El análisis de las muestras clínicas del 2005 mostró que como el 2004, el brote había sido causado por la cepa del Sudeste asiático.

El análisis de las muestras de mariscos indicó que, a pesar de las usualmente frías costas de la región, el 55% de las muestras obtenidas durante el apogeo de los brotes contenía *V. parahaemolyticus*. Sin embargo, la concentración encontrada de estas bacterias en los mariscos fue 10 a 100 veces más baja (3 a 93g⁻¹) a la descrita en regiones más cálidas del mundo. El análisis de la composición de la población mediante DGREA (Ver póster Fuenzalida L., et al) indicó que estaba constituida por al menos 16 clones (11 el año 2004 y 10 el año 2005). Solo se encontraron 5 de los 16 grupos en ambos veranos. Sorprendentemente encontramos que solo 4 de 51 muestras positivas para *V. parahaemolyticus* contenían el clon pandémico, que estaba causando las epidemias. Todos los clones no pandémicos carecían de los genes *tdh* y *trh*, asociados con patogenicidad.

En resumen, nuestras observaciones indican que incluso durante el apogeo de las epidemias, la población de *V. parahaemolyticus* en mariscos fue baja y muy diversa y que el agente causante fue un miembro minoritario de esta población.

ANÁLISIS MOLECULAR DE LA COMUNIDAD BACTERIANA PRESENTE EN EL TRACTO DIGESTIVO DE SALMÓN DEL ATLÁNTICO.

(Molecular analysis of bacterial community in digestive tract of Atlantic salmon). Navarrete, P., Opazo, R., Romero, J. Laboratorio Biotecnología, INTA, Universidad de Chile. Patrocinio: Espejo R.

La mayoría de las bacterias presentes en el tracto digestivo de peces ha sido identificada mediante cultivos tradicionales. Sin embargo, estos métodos, generalmente muestran una visión incompleta de la diversidad bacteriana presente. En este estudio, se utilizaron métodos moleculares para monitorear la diversidad bacteriana presente en los compartimentos del tracto digestivo de salmón. La microbiota presente en estómago, ciegos pilóricos e intestino de 10 peces de 30g fue analizada amplificando las regiones variables V3 a V5 del 16S rDNA y posterior separación de los amplicones por electroforesis en gradiente de temperatura (TTGE). Paralelamente, la diversidad bacteriana fue analizada mediante amplificación de la región intergénica 16S-23S rDNA. Ambos métodos revelaron que los diferentes compartimentos presentaban una comunidad similar y de estructura simple. La escisión y secuenciación de las bandas dominantes reveló que en los perfiles de TTGE, la banda dominante correspondió a *Pseudomonas fluorescens* (99% identidad), mientras el espaciador dominante correspondió a *Pseudomonas fluorescens* (99% identidad). Por otro lado, la comparación del perfil de la región espaciadora con espaciadores obtenidos de cepas aisladas del tracto digestivo, sugiere que la comunidad de los compartimentos está compuesta principalmente por *Pseudomonas*, *Microbacterium* y *Shewanella*. Los resultados muestran a *P. fluorescens* como especie dominante en salmones juveniles.

Proyecto INC I03/07-2 de DID/U. de Chile. Beca CONICYT P. Navarrete.

COMPORTAMIENTO Y GRUPOS MICROBIANOS DE UNA BIOPELÍCULA ANAEROBIA EXPUESTA A DIFERENTES PRECURSORES DE METILAMINAS

(Behavior and microbial groups of an anaerobic biofilm perturbed by different methylamine precursors) Ruiz-Tagle, N¹. Ramirez, C¹. Aspe, E² y Urrutia, H¹

¹Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. Casilla 160-C, Concepción, Chile.

²Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de Concepción. Casilla 160-C, Concepción, Chile.

Ambientes anaerobios ricos en sulfato favorecen el crecimiento de bacterias reductoras de sulfato (BRS), cuyo producto metabólico, H₂S inhibe a arqueas metanogénicas (APM). Investigaciones demuestran que las metilaminas (MA) aumentan el desarrollo de APM metilaminotróficas (APMm), aun en presencia de BRS. Existen diversos precursores de MA, colina (CHO), betaína (GBT), glicina (GLY) y trimetilaminas (TMA), como bacterias capaces de metabolizarlos. En comunidades anaerobias complejas se observa la degradación de CHO, GBT, TMA y MA a metano, pero solo TMA y MA son consumidas por APMm. El objetivo de esta investigación fue determinar la influencia de precursores de MA en el consumo de carbono orgánico total (COT), producción de metano (CG) y composición comunitaria en biopelículas anaerobias (hibridación de ARNr16S y DGGE). Resultados muestran mayor consumo de COT en sistemas alimentados con proteínas y CHO, y que proteínas y GBT en el medio favorecen el desarrollo de *Methanococcaceae* y producción de metano, pero no de BRS. Estos experimentos permiten demostrar si precursores de MA aumentan la eficiencia de la degradación anaerobia en ambientes ricos en sulfato y cómo estos pueden perturbar la composición comunitaria.

SELECCIÓN DE CEPAS BACTERIANAS PARA INCREMENTAR EL ENRAIZAMIENTO DE ESTACAS EN *Eucalyptus* spp. (Bacterial isolates screening to increased rooting cuttings on *Eucalyptus* spp. **Díaz, K.**¹; Gacitúa, S.¹; Valiente, C.¹; Martínez, M.²; Castillo, M.³ & Sanfuentes, E.¹. ⁽¹⁾Laboratorio de Fitopatología, Facultad de Ciencias Forestales. Universidad de Concepción. Casilla 160-C.

Correo 3. Concepción. Chile. e-mail: esanfuen@udec.cl.

²Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. Concepción. Chile.

³Forestal Mininco S. A., Los Canelos 79, San Pedro de la Paz.

El beneficio de las plantaciones clonales, en programas de establecimiento con *Pinus radiata* y *Eucalyptus* spp, ha sido reconocido en nuestro país. Sin embargo, factores endógenos y exógenos pueden determinar un pobre enraizamiento de estacas en algunas especies. *E. globulus*, *E. nitens* y sus híbridos, presentan variabilidad en su capacidad para enraizar, incluso a nivel de clones. Diversos estudios han demostrado que algunas bacterias promueven el crecimiento de las plantas (PGPR) e incluso, incrementan el enraizamiento de estacas.

Por estos antecedentes, el objetivo de este estudio fue seleccionar cepas bacterianas para aumentar y mejorar el enraizamiento en eucalipto.

Fue evaluado a los 60 y 75 días, el enraizamiento de un clon de *E. globulus*. Fueron ensayadas 99 cepas bacterianas, aisladas desde la rizósfera de cuatro clones de *E. globulus* y *E. nitens*. Suspensiones bacterianas fueron incorporadas al sustrato mediante riegos, al momento del estaquiamento y otro a los 45 días.

De las cepas ensayadas, 20 incrementaron significativamente el enraizamiento de las estacas, veces respecto al control. Además, algunas cepas fueron capaces de mejorar la calidad de las raíces, estimulando el desarrollo de raíces finas. Estos resultados, sugieren el potencial de estas bacterias en los programas de producción clonal en eucalipto.

Agradecimientos: CMPC Forestal

PATRONES DE PRODUCTIVIDAD EN COMUNIDADES DE PLANTAS Y MICROORGANISMOS DEL SUELO EN UN AMBIENTE ÁRIDO CHILENO (Patterns of productivity in plant and soil microbial communities in an arid environmental of Chile) **Aguilera L. E.**, Gutiérrez J. R., Vásquez S. P & Alejandra A. Rojas
Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de La Serena
Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas

La relación entre la diversidad de plantas y productividad ha recibido bastante atención en ecología, pero la relación entre estos factores con las comunidades de microorganismos del suelo ha sido poco explorada. En los ambientes áridos los nutrientes que sustentan a los microorganismos derivan principalmente de las plantas, de tal manera que las comunidades de microorganismos deberían responder a cambios en la diversidad o productividad vegetal, particularmente si la comunidad vegetal afecta la calidad o cantidad de nutrientes disponibles. Por esto nosotros investigamos la relación entre diversas especies vegetales y su productividad sobre la abundancia y actividad de la microbiota edáfica en un ambiente árido del Centro-Norte de Chile. La productividad vegetal se correlacionó positivamente con la abundancia de bacterias aeróbicas mesófilas ($r^2=0,68$; $P<0,05$), hongos saprófitos ($r^2=0,52$; $P<0,05$) y con la respiración del suelo ($r^2=0,70$; $P<0,05$), y se correlacionó negativamente con el porcentaje de infección de raíces por micorrizas arbusculares ($r^2=-0,55$; $P<0,05$). La relación entre los patrones de productividad vegetal y la abundancia y actividad de microorganismos no simbióticos sugiere que la productividad vegetal determina la productividad microbiana o está limitando los recursos para que estos dos componentes bióticos del ecosistema co-varíen.

Financiamiento: Fondecyt 1030225

AISLAMIENTO, CARACTERIZACIÓN DE MICROORGANISMOS QUE UTILIZAN COMPUESTOS ORGANOSULFURADOS COMO FUENTE DE CARBONO Y ENERGÍA. Arancibia A. *, Aroca G.*, Urrutia H.**, Valdebenito E.**

*Escuela de Ingeniería Bioquímica, Facultad de Ingeniería, P. Universidad Católica de Valparaíso, General Cruz N° 34, Valparaíso, Chile.

**Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, alejandra.arancibia.d@mail.ucv.cl, garoca@ucv.cl, hurrutia@udec.cl

Los compuestos sulfurados reducidos volátiles (gases TRS) se originan en fuentes biogénicas y antropogénicas, poseen un límite de detección olfativo extremadamente bajo y en elevadas concentraciones son neurotóxicos. En la actualidad las emisiones antropogénicas de gases TRS provienen principalmente de fábricas de celulosa y refinarias de petróleo, generando un impacto ambiental importante en grandes áreas debido a los olores que generan por la presencia principalmente de estos compuestos. Se ha propuesto el uso de sistemas de biofiltración de gases para tratar estas emisiones de gran volumen y baja concentración. El presente trabajo reporta el aislamiento y caracterización, microscópica y molecular, de cepas degradadoras de gases TRS y sus capacidades de adhesión a superficies. Esta información servirá para estudiar el desarrollo de biopelículas, con base en estos microorganismos, para la biooxidación de compuestos sulfurados reducidos presentes en emisiones gaseosas industriales. Se realizó un muestreo en la sección de fraccionamiento en ENAP Biobío (Talcahuano VIII Región), a partir del cual se realizaron cultivos por lotes con medio definido para el enriquecimiento microbiano, de estos cultivos se efectuaron siembras por agotamiento en estría en placas de petri. Las colonias aisladas se caracterizaron mediante microscopía, y análisis de RNA ribosomal 16S a través de hibridación por membrana con sondas específicas (Dot-Blot). Posteriormente a cada una de las cepas aisladas se evaluaron en su capacidad de adhesión a superficies sólidas, contactando una suspensión celular con anillos de polietileno. Después de un periodo de tiempo, se procedió a desprender las células adsorbidas en el soporte utilizando sonicación y se cuantificó su masa. Se aislaron cinco microorganismos Gram negativos, dos formas bacilares que difieren en tamaño y pigmentación, una bacteria con prosteca, y dos formas cocáceas que se agrupan en tétradas. Los cinco microorganismos mostraron distintas capacidades de adsorción a los anillos de polietileno. Esta información es relevante para la investigación sobre procesos de biofiltración de emisiones gaseosas contaminantes que contienen compuestos sulfurados reducidos.

Financiamiento: Dirección de Investigación, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Proyecto FONDECYT 1050318.

BIODEGRADACIÓN DE SIMAZINA EN SUELOS BAJO CONDICIONES NATURALES POR ADICIÓN DE UNA BACTERIA NATIVA DEGRADADORA DE s-TRIAZINAS. (Biodegradation of simazine in soils under natural conditions by addition of a native s-triazine degrading bacteria). Morgante V.¹, Flores C.¹, González M.¹, Vásquez M.² and Seeger M.¹ ¹Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso. ²Laboratorio de Biotecnología, INTA, Universidad de Chile, Santiago. veronica.morgante@alumnos.utfsm.cl.

The biodegradation of s-triazine herbicides was analysed in agricultural soil microcosms to study the influence of native microbiota, plants and bioaugmentation strategies. For bioaugmentation *Pseudomonas sp.* strain P41 was added to soil as sodium alginate-immobilized cells. Maize plants were used to simulated field conditions. For enumeration of total heterotrophic bacteria (THC) serial dilutions were used. Most probable number procedure was used to estimate simazine catabolic activities (SCA) in soil samples. Simazine in soil was quantified by HPLC. Addition of bacteria and plants do not affect THC. Inoculation with *Pseudomonas sp.* strain P41 and maize plants increase significantly SCA in soil ($p < 0,001$). Agricultural soils have a native simazine degrading microbiota (simazine half-life time 11 days). However, bioaugmentation with *Pseudomonas sp.* strain P41 increase herbicide degradation, reducing the simazine half-life time to 3 days ($p = 0,001$). Plants have less influence than strain P41 in simazine attenuation. Microbial community analysis will be performed to determine the role of native microbiota, plants and addition of strain P41 on simazine biodegradation in soil under natural conditions.

ACKNOWLEDGEMENTS. EU-ICA4-CT-2002-10011, Perkin Elmer, USM 130522, MECESUP PUCV-0206 and Fundación Andes.

DEGRADACIÓN DE BROMOFENOLES POR BACTERIAS AISLADAS DESDE AMBIENTES ACUÁTICOS NO CONTAMINADOS. (Bromophenol degradation by bacteria isolated from a non contaminated aquatic environment). **Tobella L.** y Martínez M. Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Biológicas, Departamento de Microbiología, Casilla 160-C Concepción. e-mail mimartín@udec.cl

La presencia de compuestos tóxicos como los halofenoles en el ambiente se ha relacionado con la actividad industrial. Sin embargo, éstos pueden ser sintetizados por hongos, poliquetos o bacterias. Por ello, bacterias no expuestas a halofenoles de origen industrial también podrían tener potencial para degradarlo. Se estudió la capacidad de bacterias de ambientes acuáticos para degradar 2, 4, 6-tribromofenol (2, 4, 6-TBR). Para ello, 90 ml de caldo R2A1/4 se adicionó con 10ml de una muestra de agua y 2, 4, 6-TBR (50µg/mL). Las muestras fueron incubadas a 30°C con agitación (115 r. p. m) y la degradación del 2, 4, 6-TBR fue seguida diariamente por espectroscopía UV (200-350nm). Después de 7 días de incubación, se observó disminución de la concentración de 2, 4, 6-TBR. Se aislaron tres cepas de bacilos Gram negativos, a las cuales se les investigó su capacidad para degradar 2, 4, 6-TBR como única fuente de carbono y energía y en caldo R2A1/4. Las cepas fueron capaces de degradar 246-TBR pero ninguna de ellas utilizó 2, 4, 6-TBR como única fuente de carbono y energía. Los resultados indican que en ambientes no expuestos a contaminantes industriales es posible la selección de bacterias que degradan bromofenoles cuya capacidad podría estar relacionada con el origen biológico de estos compuestos.

Financiado: Universidad de Concepción DIUC.