



**DEPARTAMENTO DE BOTÁNICA
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y OCEANOGRÁFICAS
UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN**

TESIS PARA OPTAR AL GRADO DE DOCTOR
EN CIENCIAS BIOLÓGICAS, ÁREA BOTÁNICA



ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE
PROCHLOROCOCCUS Y *SYNECHOCOCCUS* DE LAS CAPAS ÓXICAS Y SUBÓXICAS
ASOCIADAS A LA ZONA DE MÍNIMA DE OXÍGENO DEL OCÉANO PACÍFICO
TROPICAL SUDORIENTAL

POR

PARIS LEONARDO LAVIN SEPULVEDA

TUTOR: PATRICIA GÓMEZ

Abril 2009

RESUMEN DE LA TESIS

La región tropical del Océano Pacífico Sudoriental abarca el ecosistema de surgencia costera de mayor productividad biológica y una de las zonas de mínima de oxígeno (ZMO) más extensas y someras del mundo. La presencia de una capa con bajo oxígeno a profundidades intermedias juega un papel importante en la estructuración tanto de especies pelágicas como de comunidades bentónicas, promoviendo un particionamiento vertical de los ensambles planctónicos. Debido a la escasa información acerca de las picocianobacterias que habitan tanto en la ZMO como en la costa del Océano Pacífico Sudoriental esta investigación se enfocó en evaluar y comparar la composición y diversidad genética de las poblaciones de las cianobacterias de los géneros *Prochlorococcus* y *Synechococcus* que habitan en aguas óxicas y subóxicas del Océano Pacífico tropical oriental. Para cumplir con este objetivo se analizaron 55 muestras de ADN comunitario utilizando el método de T-RFLP (Terminal Restriction Fragment Length Polimorfism) y la secuenciación del espaciador interno transcrito del 16S-23S rDNA, el cual es útil para discriminar entre taxa estrechamente relacionados. La aplicación del método estándar de T-RFLP generó resultados anómalos presentando más de una señal, incluso con muestras provenientes de fragmentos ITS clonados. Por lo tanto se realizó una modificación en el método que consistió en adicionar los partidores marcados en los últimos dos ciclos de amplificación. Esta modificación permitió la aplicación del método de T-RFLP al análisis de secuencias ITS en muestras de terreno. Por otro lado, la secuenciación de la región ITS a partir de muestras ambientales demostró, principalmente, la presencia de genotipos del género *Prochlorococcus* y la existencia de linajes nuevos, asociadas a la ZMO, dentro de este género.

El análisis filogenético de las secuencias ITS obtenidas de la base de datos GenBank y de la clonación y secuenciación de muestras ambientales, discriminó 19 linajes filogenéticos de cianobacterias. La comparación entre las poblaciones analizadas mediante T-RFLP de muestras ambientales y el uso de análisis estadísticos como T-TEST, SIMPER y ANOSIM indicaron que: a) la diversidad de picocianobacterias en la ZMO es mayor que la de zonas óxicas; b) la composición de la comunidad presente en la ZMO difiere de la de zonas óxicas, principalmente por la presencia y abundancia de los linajes nuevos de *Prochlorococcus*.

