

**ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DEL TUNICADO *P. praeputialis* (Heller,
1878) EN LA COSTA DE CHILE Y DE AUSTRALIA: SIGNIFICADOS
BIOGEOGRÁFICOS Y EVOLUTIVOS.**

Por

Marcela P. Astorga O.



Tesis presentada a la
ESCUELA DE GRADUADOS
DE LA UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN
para optar al grado de
DOCTOR EN CIENCIAS BIOLÓGICAS.
ÁREA ZOOLOGÍA

Concepción-Chile

2004

RESUMEN

La distribución disjunta que presentan algunas especies intermareales, ha sido explicada por separación a partir de una distribución continua previa, determinada por procesos vicariantes, o por dispersión de individuos en estados larvales o adultos en un tiempo posterior a la separación geográfica.

El tunicado *Pyura praeputialis*, corresponde a una especie presente en las costas de Australia continental y Tasmania y en la bahía de Antofagasta en Chile. El origen de esta distribución disjunta fue inicialmente propuesta como relicto gondwánico. Sin embargo, trabajos posteriores utilizando marcadores moleculares, establecieron una alta similitud genética entre las poblaciones de la costa chilena y australiana.

El objetivo de la presente tesis, es determinar la constitución genética de las poblaciones de la costa australiana dentro de un rango de aproximadamente 2000 km. y dentro de la bahía de Antofagasta en Chile, en un rango de aproximadamente 70 km de costa.

Para lograr este objetivo se realizaron tres aproximaciones: a) análisis isoenzimático, el cual corresponde a la obtención de marcadores genéticos, que pueden presentar respuesta selectiva; b) secuenciación del gen mitocondrial citocromo oxidasa I, el cual corresponde a un marcador genético, que presenta una mayor tasa mutacional en relación a los genes presentes en ADN nuclear; y c) fragmentos de restricción (RFLP) del segmento ITS de ADN ribosomal; este marcador genético por ser no codificante, posee una mayor tasa mutacional que genes codificantes del ADN nuclear.

Se muestrearon 12 localidades dentro de la bahía de Antofagasta en Chile y 7 localidades de Australia, de las cuales, algunas de ellas fueron utilizadas para análisis isoenzimáticos y otras para análisis molecular de ADN.

A partir de los datos isoenzimáticos y de secuenciación (COI ADN_{mt}) se realizó un análisis filogenético utilizando máxima parsimonia, método del vecino más cercano y máxima versosimilitud, utilizando polarización con un grupo externo utilizando el programa PAUP. La determinación del mejor modelo de sustitución nucleotídica se realizó utilizando el programa MODELTEST.

El análisis poblacional fue realizado con los datos de aloenzimas y RFLP, utilizando los programas GENEPOP y ARLEQUÍN respectivamente. Se estableció la estructuración poblacional basada en el estadístico F_{st} y además se aplicó un análisis de varianza molecular (AMOVA), para establecer el porcentaje de varianza explicado por los diferentes niveles jerárquicos analizados.

Los resultados del análisis filogenético muestran un único clado para las poblaciones chilenas y las australianas en conjunto, ya sea para datos isoenzimáticos, como de secuenciación de ADN_m. Los resultados de divergencia genética entre las poblaciones de Chile y Australia muestran valores muy bajos, incluso al mismo nivel que el observado dentro de las localidades de Chile y dentro de las localidades de Australia.

El análisis poblacional, utilizando aloenzimas, no muestra estructuración poblacional dentro de la población de *P. praeputialis* de la bahía de Antofagasta en Chile, como tampoco a lo largo de Australia. Sin embargo, se observa aislamiento por distancia entre las localidades de Australia continental, lo cual permite establecer la ausencia de entidades genéticas discretas, pero con flujo génico en mayor frecuencia entre localidades más cercanas.

El análisis poblacional, utilizando RFLP, no mostró estructuración poblacional dentro de las localidades en la bahía de Antofagasta ni entre las localidades de Australia continental, como tampoco mostró estructuración poblacional al comparar las localidades de Chile con las localidades de Australia continental. Cabe destacar que sólo en el análisis de RFLP se incluyó la localidad de Hobart, en la isla de Tasmania, la cual mostró una alta estructuración genética poblacional en relación con la población de Australia continental y a la población de *P. praeputialis* en la bahía de Antofagasta en Chile.

La alta similitud genética observada entre las localidades muestreadas dentro de la bahía de Antofagasta en Chile, con las localidades de Australia continental, permiten concluir que la distribución disjunta de esta especie entre ambas costas del Pacífico, no corresponde al resultado de un evento vicariante, sino más bien a un proceso de dispersión en un tiempo reciente. Una de las hipótesis más factible de explicar la alta similitud y la ausencia de estructuración poblacional observada, es la ocurrencia de dispersión desde una población fundadora en la costa australiana hacia las costas de Chile. La alta diversidad haplotípica observada en las localidades de la bahía de Antofagasta en Chile, con ambos marcadores moleculares, permite sugerir, la posibilidad de dispersión, ya sea en eventos sucesivos, o de un gran número de individuos de diversas poblaciones. Las hipótesis, en relación con la forma de dispersión del piure *P. praeputialis*, previamente propuestas por otros autores, corresponden a deriva de adultos o introducción antropogénica accidental. Sin embargo, es poco probable la ocurrencia de un suceso de deriva de adultos, en eventos sucesivos o con un gran número de individuos de diferentes poblaciones. Por lo tanto, la hipótesis más probable para explicar la distribución disjunta de esta especie, es la introducción de individuos por dispersión mediada tal vez por barcos y en eventos sucesivos.