

CITES como una especie vulnerable y por la IUCN como especie en peligro de extinción. Por esta razón, el Centro de Biología Molecular del Gimnasio Campestre inició un proyecto de genética conservacionista que pretende proveer información utilizable para el análisis, tanto de la especie *P. brasiliensis* como de sus familiares mas cercanos, y de esta forma, proponer planes de manejo de la especie y su hábitat previniendo su extinción.

Con el fin de identificar las bondades de la metodología de RFLP se realizó un análisis de un fragmento del gen ribosómico 18S RNA de 2 nutrias gigantes de río, el cual se amplificó por PCR y después se cortó con las enzimas de restricción Hind III, EcoR I, BamH I, Hinf I, Bgl I, Xba I y Sal I. Los perfiles electroforéticos observados son iguales para las 2 nutrias, hembra y macho. Las enzimas Hind III, EcoR I, Bgl I y Xba I no cortaron el fragmento del gen 18S RNA, por el contrario, las enzimas BamH I, Hinf I y Sal I si cortaron el fragmento del gen 18S RNA. La enzima BamH I produjo 3 bandas de aproximadamente 30, 40 y 230 pares de bases. La enzima Hinf I produjo 2 bandas de 200 y 100 pares de bases aproximadamente y la enzima Sal I produjo 2 bandas de peso molecular muy parecido a las bandas producidas por la enzima Hinf I de 190 y 110 pares de bases aproximadamente. La metodología de RFLP provee un invaluable recurso para mapeo genético.

DETERMINACIÓN PARCIAL DEL MAPA DE RESTRICCIÓN DEL DNA MITOCONDRIAL DE LA NUTRIA GIGANTE DE RÍO *Pteronura brasiliensis* Y COMPARACIÓN CON OTROS MUSTÉLIDOS COLOMBIANOS EN CAUTIVERIO

SAMPER, M.¹, HERNÁNDEZ, J.², BERNAL, J.²

¹ Centro de Biología Molecular, Universidad de los Andes.

² Centro de Biología Molecular.

La nutria gigante de río *Pteronura brasiliensis* es un mamífero carnívoro de la familia Mustelidae, a la cual pertenecen también las tairas y los hurones. La nutria es considerada por el CITES como una especie vulnerable y por la IUCN como especie en peligro de extinción. Por esta razón, el Centro de Biología Molecular del Gimnasio Campestre inició un proyecto de genética conservacionista que pretende proveer información utilizable para el análisis, tanto de la especie *P. brasiliensis* como de sus familiares mas cercanos, y de esta forma, proponer planes de manejo de la especie y su hábitat previniendo su extinción.

En esta investigación se diseñaron seis parejas de oligonucleótidos "primers" universales que delimitan cerca de 100% del DNA mitocondrial (mtDNA) de mamíferos. Estas secuencias fueron diseñadas previa alineación de la secuencia descrita del mtDNA de humanos, ballena, foca, rinoceronte, gato, burro y perro. Se estandarizaron protocolos para la obtención de DNA de nutrias, hurones y tairas a partir de muestras de pelo y para amplificar por PCR una región del mtDNA de estos tres Mustélidos. La reacción fue exitosa para tres pares de oligonucleótidos: mt01-mt02, mt07-mt08 y mt11-mt12 que amplificaron fragmentos respectivamente de 2.900, 2.800 y 3.200 pares de bases aproximadamente. Esta amplificación representa 54% del mtDNA de Mustélidos. El fragmento amplificado de 3.200 pares de bases de nutria, hurón y taira que delimitan los oligonucleótidos mt11-mt12 fue purificado del corrido electroforético y analizado con ocho enzimas de restricción: BAM I, Bgl I, EcoR I, Hha I, Hind III, Hinf I, Sal I y Xba I. A partir de este análisis se obtuvo el mapa físico experimental de esta región del genoma mitocondrial. De otra parte, se realizó el mapa físico de restricción teórico con las mismas endonucleasas para la secuencia del mtDNA descrita para los siete mamíferos que delimitan los oligonucleótidos mt11-

mt12. Esta región comprende los genes *cytb*, tRNA-Pro, D-Loop, tRNA-Phe y 12SrRNA, y con esto, se obtuvo el mapa físico teórico para estos mamíferos. De los resultados se dedujo que la nutria gigante de río posee 85% de homología con la taira, 70% con el hurón y 18% con los mamíferos estudiados. Por último, se realizó una comparación de los mapas físicos obtenidos tanto a nivel experimental como teórico utilizando el programa PAUP para hallar las relaciones filogenéticas entre todas las especies estudiadas. Se realizó un árbol filogenético basado en el método de parsimonia. Se escogieron como datos los 45 lugares de restricción identificados de los cuales 15 fueron informativos para el análisis de parsimonia. El árbol presentó una división en dos grupos: i) humanos y ii) los demás mamíferos. En la división del segundo grupo se observó una politomía, formándose tres subgrupos: a) foca; b) perro, ballena, nutria gigante, hurón y taira; y c) gato, burro y rinoceronte. Los tres Mustélidos y el perro mostraron una mayor relación entre ellos que con las demás especies de mamíferos presentando un alto valor de repetición de 62 y una baja distancia filogenética de 0,8 coincidiendo con clasificaciones previas. Sin embargo, no se dilucidó la relación que existe entre las tres especies de Mustélidos. Se hace necesario continuar con el mapa de restricción para robustecer el análisis parsimonioso por PAUP y poder aclarar las relaciones filogenéticas y evolutivas de estas especies.

DETECCIÓN DE MUTACARCINÓGENOS Y GENOTOXICIDAD EN AGUAS RESIDUALES QUE SURTEN DOS PLANTAS DE TRATAMIENTO DE AGUA DE CONSUMO

OROZCO, L. Y., LÓPEZ, C., NARANJO, L. C., ZULETA, M.
Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín.
lyorozco@matematicas.ude.edu.co

Las aguas residuales están cargadas de gran variedad de mutacarcinógenos entre ellos Hidrocarburos Policíclicos aromáticos, nitrosaminas y aminos Heterocíclicos todos ellos formados durante la combustión de material orgánico y en alimentos proteicos cocidos a altas temperaturas. Dichos mutacarcinógenos llegan a las aguas residuales especialmente a través de la orina y heces. Las aguas residuales procedentes de la población del Retiro son vertidas al río Pantanillo después de ser tratadas en una planta a base de lodos activados. Este río surte represas que alimentan las plantas de tratamiento de agua de consumo la Ayurá y Rionegro que distribuyen agua potable a más de 2'000.000 de habitantes.

El propósito de la investigación es identificar por medio de cromatografía de gases, mutacarcinógenos en las aguas residuales antes y después de pasar por la planta de tratamiento a base de lodos activados y evaluar su efecto genotóxico en células humanas por medio del ensayo Cometa. Esta investigación generó los siguientes conocimientos: Las aminos heterocíclicas mutacarcinogénicas AC, Trp-P1, Trp-P2, IQ y MeIQx detectadas en estas aguas residuales, no fueron totalmente retenidas por la planta de tratamiento del Retiro, por lo tanto podrían llegar a través del río pantanillo hasta las aguas de consumo humano. Los mutágenos que lograron pasar la planta pueden penetrar hasta el núcleo de linfocitos humanos y dañar su DNA.

En relación con el efecto mutagénico, las dosis pequeñas de mutágenos (dosis permisivas), tal como llegan a aguas de consumo podrían ser más perjudiciales que las dosis mayores mezcladas con otros compuestos. Por los resultados anteriores se puede hipotizar que las aguas de consumo humano contaminadas con aguas residuales, podrían contribuir a los factores de riesgo que aumentan la incidencia de cáncer en la población expuesta.