

**REGRESIONES Y CORRELACIONES SIMPLES Y MÚLTIPLES SIGNIFICATIVAS
ENTRE LA VARIABILIDAD GENÉTICA MEDIDA CON MICROSATÉLITES Y VARIABLES
REPRODUCTIVAS, ECOLÓGICAS, MORFO-FISIOLÓGICAS Y DEMOGRÁFICAS
EN FÉLIDOS, PRIMATES Y CÉRVIDOS NEOTROPICALES**

RUIZ-GARCÍA, M., MARTÍNEZ-AGÜERO, M.

Genética de Poblaciones, Biología Evolutiva, Departamento
de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana.
mruiz@javeriana.edu.co

Un fenómeno enormemente importante de determinar reside en el hecho de si los marcadores moleculares tipo microsatélites (STRPs) poseen una evolución molecular neutral que esté altamente correlacionada, ya de forma lineal o no, con los números efectivos de las poblaciones y con aquellos eventos que afectan concomitantemente a los números efectivos, tales como la capacidad de dispersión, el tipo de reproducción, el número y supervivencia de las camadas, etc. Para ello analizamos la variabilidad genética medida en forma de heterocigosidad esperada y el número promedio de alelos por locus en 5 microsatélites (6 especies de Félidos), 10 microsatélites (8 especies de Primates) y 16 microsatélites (8 especies de ciervos) frente a los valores obtenidos para 54 variables en los félidos, 77 variables en Primates y 40 variables en cérvidos. Las ecuaciones de regresión simple y múltiple fueron obtenidas mediante el método step-wise para aquellas variables con valores continuos. De este modo, se pudo determinar individualmente que variables ecológicas, reproductivas, morfológicas y demográficas afectaron más a las variables de diversidad genética. Igualmente, se utilizaron regresiones con variables mixtas (continuas, binarias y cualitativas) con el método de la distancia de Gower, la distancia del valor absoluto y la distancia de Minkowski de exponente entero igual a 1. Se estimaron los coeficientes de determinación utilizando dos y tres coordenadas. Para determinar la importancia de cada uno de los valores de la variable dependiente (genética) sobre la predicción de los restantes valores de la variable dependiente se calculó el coeficiente "cross-validación". Primates y Felinos mostraron muy elevadas y significativas correlaciones con esos conjuntos de variables, especialmente, en el primer caso con el número de subespecies, peso y el rango promedio de movimiento diario y en los segundos con la varianza de la progenie, número de subespecies y categorización de la UICN de esas especies. En los cérvidos el número de correlaciones significativas fue algo más bajo, pero se encontró una correlación significativa con variables relacionadas con la estructura reproductiva de los mismos.

**GENOTIPIFICACIÓN DE POLIMORFISMOS MOLECULARES EN LOS GENES
CYP2E1, GSTM1 Y GSTT1 PARA EVALUAR SUSCEPTIBILIDAD
A CÁNCER GASTROINTESTINAL EN UNA POBLACIÓN PAISA**

ZULUAGA, D. L., CASTAÑO, C. E., CAMARGO, M.

Universidad de Antioquia, Grupo de Genética de Poblaciones y
Mutacarcinogénesis, Medellín. dianazuluaga@eudoramail.com

Entre los años 2001 y 2002 se recogieron 40 muestras de pacientes diagnosticados con cáncer gastrointestinal en los departamentos de Antioquia y Caldas, a los cuales se les determinó el genotipo molecular para los genes CYP2E1, GSTM1 y GSTT1 en sangre y se les realizó una entrevista

BIBLIOTECA
UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA