

**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 Féidos), 10 microsatélites ~~10~~ (8 especies de Primates) y 16 microsatélites (8 especies de ciervos) frente a los valores obtenidos para 54 variables en los féidos, 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, 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 IUCN 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

para analizar su consumo de alcohol, cigarrillo y alimentos quemados y/o embutidos, ya que estudios previos en otras poblaciones han sugerido la asociación de algunos polimorfismos de estos genes (en combinación o no con factores ambientales), con una predisposición a la enfermedad. Por tanto, se comparó estadísticamente las frecuencias genotípicas con las de una población de controles sanos apareada con los casos por edad y sexo, y se observó la susceptibilidad a cáncer gastrointestinal, mediante el análisis de asociación a polimorfismos en los genes que codifican para las enzimas CYP2E1, GSTM1 Y GSTT1 del metabolismo de xenobióticos. La extracción del DNA sanguíneo se realizó por el método "Salting-Out" y para la determinación del genotipo de cada gen se hicieron pruebas de PCR/RFLPs observados en geles de agarosa.

Los resultados obtenidos muestran una tendencia, a la asociación individual entre la ocurrencia de la enfermedad con la presencia del alelo C2 de CYP2E1 y el genotipo null de GSTT1, así como también, una relación significativa con el consumo excesivo de alcohol y cigarrillo. Los polimorfismos del gen GSTM1 no mostraron ninguna relación con este tipo de cáncer en nuestra población. Éstas observaciones en general, se podrían explicar por la codificación de enzimas que activan rápidamente algunos carcinógenos ingeridos y la ausencia de algunas otras necesarias para su conjugación y pronta eliminación. Dado que este trabajo tiene una muestra, aunque significativa, pequeña para sacar conclusiones de peso, sólo se observan tendencias a la relación entre algunos de los polimorfismos y factores ambientales estudiados con la manifestación de la enfermedad. (Proyecto financiado por CODI-UdeA, IN399CE).

#### CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE CEPAS NATIVAS Y COLOMBIANAS DE *Clostridios* SOLVENTOGÉNICOS MEDIANTE PERFILES DE PLASMIDOS AFLP's

ARÉVALO, C.<sup>1</sup>, ARRIETA, A.<sup>1</sup>, AGUILERA, G.<sup>1</sup>, ARIAS, G.<sup>1</sup>,  
SUÁREZ, Z.<sup>1</sup>, ARISTIZÁBAL, F.<sup>2</sup>, MONTOYA, D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Colombia.  
Edificio Manuel Ancízar. <sup>2</sup> Departamento de Farmacia,  
Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia.  
domonto@ibun.unal.edu.co fabioaris@ibun.unal.edu.co

Las cepas nativas solventogénicas de *Clostridium* spp. aisladas por el Instituto de Biotecnología, poseen características que permiten catalogarlas como microorganismos de alto potencial biotecnológico dada su relevante capacidad de degradar desechos agroindustriales, además de producir interesantes niveles de solventes a través de la fermentación acetobutílica. Con miras a darle valor agregado como recursos genéticos y, buscando al mismo tiempo su aprovechamiento sostenible, se requiere de la implementación de técnicas de la caracterización molecular como herramienta fundamental para llegar a su amplio conocimiento. El presente trabajo tuvo como propósito ampliar la caracterización de las trece cepas nativas de *Clostridium* solventogénicos mediante perfiles plasmídicos y AFLP's (Amplified Fragment Length Polymorphism).

Se estandarizaron las condiciones para la extracción de plásmidos en estos microorganismos anaeróbicos y las condiciones para su análisis con enzimas de restricción; igualmente se establecieron las condiciones aislar ADN total para la realización de AFLP simple utilizando la enzima de restricción HindIII.

Los resultados de este trabajo sugieren que todas las cepas alojan al menos un plásmido que migra entre 20 y 34 kpb, y 7 de ellas poseen un plásmido más que migra entre 11 y 14 kpb. Sin