

ESTIMACIÓN DE LA OFERTA DE FRUTOS EN EL GRADIENTE VERTICAL DE UN BOSQUE DEL MEDIO CAQUETÁ, AMAZONÍA COLOMBIANA

NICOLÁS CASTAÑO ARBLEDA

DIRECTOR: JULIO BETANCUR BETANCUR

RESUMEN

Durante el año 2001 se estimó la oferta de frutos en un bosque de tierra firme de la Amazonía colombiana. Se muestrearon 7 parcelas de 50 x 50 m² cada una (1.75 ha), en las que se censaron todos los individuos fructificados. En total se encontraron 1.154 individuos en fruto, correspondientes a 196 especies y 57 familias. En cada ciclo de muestreo se produjeron en promedio 15.212 frutos/ha y 16.1 kg/ha de peso seco de la cosecha. Para estimar la fructificación de cada especie y familia se propuso un Índice de Valor de Importancia de Fructificación considerando el número de individuos fructificados, el número de frutos producidos y el peso de la cosecha. Las familias que presentaron los mayores valores en este índice fueron Melastomataceae y Arecaceae, mientras que las especies fueron *Maieta guianensis* y *Lepidocaryum tenue*. Se definieron cinco estratos verticales que presentaron variaciones altamente significativas en la producción de frutos. Composición florística y estructura de la vegetación: se muestrearon 16 transectos de 50 x 2 m (0.16 ha), censando todos los individuos con DAP ≥ 1 cm. Se encontraron 1.857 individuos, pertenecientes a 423 especies y 69 familias. Las familias más importantes fueron Mimosaceae y Fabaceae. Las especies más importantes fueron *Parkia sp.* y *Pseudomonotes tropenbosii*. El número de individuos y de especies con respecto a la altura del bosque mostró mayor concentración en los primeros metros, especialmente por debajo de los 5. Para muestrear el componente herbáceo se muestrearon 7 transectos de 50 x 2 m² (0.07 ha), en los que se censaron todos los individuos con DAP ≤ 1 cm. Se encontraron 1.128 individuos, pertenecientes a 65 especies y 18 familias. Las familias con mayor valor de importancia fueron Marantaceae y Melastomataceae. Las especies con mayor valor de importancia fueron *Calathea angustifolia* y *Monotagma juruanum*.

ESTUDIO PARA LA PROPAGACIÓN VEGETATIVA *in vitro* DE ANÓN AMAZÓNICO (*Rollinia mucosa* (JACQ.) BAILL)

CLAUDIA PATRICIA MARÍN JARAMILLO

DIRECTORES: TERESA MOSQUERA Y HERNANDO PÉREZ ESLAVA

RESUMEN

El Instituto Amazónico de Investigaciones Científicas, SINCHI, la Gobernación del Guaviare y el Plan Nacional de Desarrollo Alternativo, PNDA, suscribieron el proyecto "Selección de germinación y producción de material vegetal con características fenotípicas y fitosanitarias deseables de especies nativas promisorias como soporte a los proyectos PLANTE en el Departamento del Guaviare", para la sustitución de cultivos de coca mediante el establecimiento de sistemas agroforestales, que permitan brindar a los campesinos y colonos dedicados a esta actividad la posibilidad de desarrollar otras, económicamente rentables a largo plazo, que presenten una salida digna para ellos, y que eviten la generación de más daños a los ecosistemas amazónicos. Dentro de las especies seleccionadas se encuentra el anón amazónico, *Rollinia mucosa* (Jacq.) Baill. Para lograr la producción de material vegetal de este frutal se buscó la forma de establecer en condiciones *in*

vitro segmentos nodales tomados de árboles adultos de cinco años de edad, para lo cual se aplicaron ensayos de desinfección con soluciones de antibióticos y fungicidas y tratamientos con agua caliente, y de la oxidación, mediante la adición al medio de cultivo de antioxidantes como ácido ascórbico, ácido cítrico, carbón activado y *L-cisteina*. Aunque se logró el control de la contaminación no fue posible el establecimiento *in vitro*, debido a la pérdida de viabilidad. Para facilitar el manejo de los problemas de contaminación durante la fase de establecimiento, se realizaron ensayos para la germinación de semillas en condiciones *in vitro*, pero no se logró la germinación de estas, razón por la cual se sembraron en tierra estéril. Las semillas germinaron entre los 35 y 50 días. Cuando las plántulas tuvieron dos meses de edad se tomaron explantes de hipocótilos y hojas, a los que se les realizaron ensayos de desinfección con isodine e hipoclorito de sodio, y de control de la oxidación con los mismos compuestos antioxidantes evaluados en los segmentos nodales. Fue posible el control de la contaminación en los explantes de hoja y de la oxidación en los de hipocótilo. Se evaluó el efecto de los reguladores de crecimiento ácido naftalena-cético, ANA, bencilaminopurina, BAP, ácido diclorofenoxyacético 2,4-D y thidiazuron, TDZ, sobre la inducción de morfogénesis en segmento de hipocótilos, para las hojas se evaluó el efecto del BAP, del ácido 3-indol-acético, AIA, y de la acción conjunta de estos dos reguladores de crecimiento. Se encontró un alto potencial morfogénico en estos explantes. En las hojas se logró la inducción de rizogénesis, caulogénesis indirecta y la producción de callo friable. En los hipocótilos fue posible la inducción de organogénesis directa, con producción de múltiples brotes, mediante la adición al medio de cultivo de TDZ o ANA y BAP. En el caso del 2,4-D, se logró la obtención de plántulas de aspecto normal.

IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE SECUENCIAS CONSENSO DE RNAs DE TRANSFERENCIA AMINOÁCIDO ESPECÍFICOS, SEGÚN LA PROCEDENCIA BIOLÓGICA

CAROLINA DÍAZ ARENAS
DIRECTOR: EUGENIO ANDRADE

RESUMEN

Desde el descubrimiento del código genético se han llevado a cabo varios estudios sobre el tRNA, debido a su gran importancia en la síntesis de proteínas. En este sentido, se realiza el presente estudio sobre la estructura primaria de la molécula y su relación con la teoría de coevolución del código genético, propuesta por Wong (1975). Se construyó una base de datos específica para tRNAs aminoácido específicos, con 10.504 secuencias únicas. Las secuencias se obtuvieron del Genebank y de Mathias Sprinzl y se organizaron en grupos, como sigue: archaebacteria, eubacteria, unicelulares, animales, plantas y cloroplasto. Las secuencias se alinearon usando Clustal y se obtuvieron los consensos con Genedoc, respetando siempre los grupos establecidos. Se empleó una metodología alternativa, en la cual se exploraron homologías desde 100 hasta 60%, en intervalos de 5%. Las secuencias consenso se agruparon mediante el algoritmo Neighbour-joining de Clustal X. Se encontró que las secuencias consenso tienen en promedio 47.30 bases, esto representa el 63.9% de la longitud promedio (74 bases) de las secuencias de tRNAs. Las secuencias consenso son ricas en bases con 100% de homología, lo cual representa cerca del 60.8% de la longitud total del consenso. Más aun, los consensos mostraron mayor proporción de bases CG en general. Los siguientes grupos son los más representativos: 1. "(ala, cys)" se encontró en eubacteria, unicelulares, animales y cloroplastos. 2. "(ile, ala)" se encontró en archaebacteria,