

bustez y estabilidad del sistema regulatorio del mismo está aún por obtenerse. En el presente trabajo se propone una modificación del modelo dinámico, el cual tiene como elemento principal la dinámica reguladora del operador OR, para tomar en cuenta la interacción a larga distancia entre los operadores OR y OL recientemente descrita, y el elemento estocástico producto del poco número de moléculas participantes. El algoritmo de simulación estocástica desarrollado por Gillespie, es el método más común empleado para simular correctamente el ruido intrínseco que acompaña las reacciones bioquímicas celulares. Una descripción numérica del comportamiento de una red química es lograda al identificar todas las posibles reacciones, midiendo cada una de ellas, el número inicial de cada una de las moléculas del sistema y luego aplicando el algoritmo de Gillespie, se obtiene un estimativo del comportamiento del sistema en función del tiempo. Empleando estos elementos se construye un nuevo modelo dinámico sistémico sobre el mantenimiento del estado lisogénico del bacteriófago lambda y la inducción de los profagos, el cual predice un comportamiento del sistema que se aproxima muy bien a las observaciones experimentales reportadas.

Palabras clave: bacteriófago lambda, red neuronal, modelo.

ASOCIACIÓN DE ÍNDICES INFECCIOSOS DEL VIRUS DE LA FIEBRE AFTOSA A RECEPTORES CELULARES EN EL GANADO CRIOLLO BON

ALEJANDRA RODRÍGUEZ MORALES¹, MANUEL FERNANDO ARIZA BOTERO²

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias

²Instituto de Genética

Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá.

RESUMEN

Los miembros de la familia de receptores celulares, integrinas (-V,1, -V,3 -V,6), han sido identificados como factores de adhesión de diferentes virus a las células del hospedero. Para el caso del virus de la Fiebre Aftosa, estas integrinas se unen al sitio de reconocimiento celular en la secuencia tripéptica Arg-Gly-Asp (RGD) e igualmente están localizadas en la proteína VP1 del virus. Evidencia genética de esta interacción ha sido obtenida mediante la mutación de la secuencia RGD en clones infecciosos de ADNc, identificando partículas virales no infectivas incapaces de absorberse a células susceptibles. Cierta clase de resistencia genética natural al virus de la fiebre aftosa ha sido descrita en el ganado bovino Blanco Orejinegro, considerándose que cierto grado de esta resistencia podría ser causado por mutaciones en estos receptores celulares responsables por la adhesión del virus. Uno de los objetivos del estudio fue la identificación de genes candidatos (integrinas), específicamente marcadores moleculares asociados a genes potencialmente responsables por la adhesión del virus aftoso a la célula hospedera. Un total de 106 individuos pertenecientes al núcleo de ganado criollo (banco de germoplasma bovino, Corpoica) fueron genotipados con dos marcadores tipo microsatélite (ILS030 y BM2113) y dos SNPs (SLC11A1 y ITGB6) encontrados en el cromosoma 2 bovino. Estos genotipos fueron asociados a índices de infecciosidad, obtenidos a partir de la infección de cultivos BHK y de fibroblastos con los serotipos O1 Campos y A24 Cruzeiro, para cada uno de los individuos. Dos de los cuatro marcadores (ITGB6 e ILST030S) se asociaron significativamente con el fenotipo Índice de Resistencia y mostraron un amplio efecto aditivo ($p=0,025$ y $p=0,001$ respectivamente). El presente estudio permitirá identificar aquellas líneas familiares que segregan aquellos alelos benéficos dentro de un programa de selección asistida por marcadores moleculares para resistencia a enfermedades.

Palabras clave: fiebre aftosa, receptor celular, ganado criollo.

LAS PLANTAS VASCULARES DE LOS AFLORAMIENTOS ROCOSOS DE SUESCA, CORDILLERA ORIENTAL COLOMBIANA

CAROLINA AVELLANEDA CADENA¹, JULIO CÉSAR BETANCUR²

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias

²Instituto de Ciencias Naturales, Facultad de Ciencias,

Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá.

RESUMEN

Se muestrearon las plantas vasculares presentes en tres tipos de afloramientos rocosos del municipio de Suesca, departamento de Cundinamarca (Colombia), ubicados entre 2.800 y 3.000 m de altitud. Estos sitios se denominaron Valle de los Halcones (VH), Farallones de Suesca (FS) y Los Monolitos (LM). Cada planta fue recolectada, determinada y se le anotó la superficie en la que crecía (placa, repisa o fisura) y el hábito de crecimiento (erecta, colgante o perpendicular a la superficie). Se encontraron 97 especies, correspondientes