

de la mayor disponibilidad de luz solar, permite una mayor entrada de agua, con lo cual se estimula la germinación, crecimiento y establecimiento de individuos relativamente rápido. Se determinó que existe un banco de semillas dentro de las acículas del suelo. Es importante continuar con el monitoreo de las parcelas para un mejor entendimiento del fenómeno sucesional que ocurre.

Palabras clave: banco de semillas, claros experimentales, plantaciones, sucesión, *Pinus patula*.

DISTRIBUCIÓN DE MARCADORES FENOTÍPICOS EN POBLACIONES DE GATO DOMÉSTICO (*Felis catus*, *Felidae*) EN EL DEPARTAMENTO DEL META, COLOMBIA

ROCÍO DEL PILAR SOLANO PADILLA, HÉCTOR ANÍBAL CAMPOS MOSOS
Departamento de Biología, Facultad de Ciencias,
Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá.

RESUMEN

Se realizaron muestreos en ocho municipios del departamento del Meta, en los que se identificaron diez loci que codifican para características del pelaje y una malformación esquelética en la cola del gato doméstico. El objetivo de este muestreo fue analizar la estructura genética existente entre estas poblaciones y su posible relación con poblaciones de gatos previamente muestreadas en otras zonas de Colombia. Se encontró que todas las poblaciones están en estado de equilibrio Hardy-Weinberg para los loci O y S. A partir de estadísticos de diversidad génica, flujo génico y análisis multivariantes, se encontró que las poblaciones estudiadas en el Meta, aunque no presentan un proceso de estructuración marcado, no llegan a constituirse en un único pool genético establecido dentro de Colombia, ya que presentan relación con otras poblaciones colombianas de presunto origen español, tanto con influencia atlántica como con influencia pacífica.

Palabras clave: loci, gatos, genética de poblaciones, Meta.

COMPARACIÓN DE LAS DENSIDADES DE *Annelida* EN DIFERENTES PAISAJES DE LA AMAZONÍA COLOMBIANA

MIGUEL ANTONIO MOLANO MOLANO, ENRIQUE ZERDA
Departamento de Biología, Facultad de Ciencias,
Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá.

RESUMEN

La distribución de las comunidades de *Annelida* se ve influenciada por la disponibilidad de nutrientes en el suelo, la asociación ínter específica, la presencia o ausencia de predadores y parásitos, al igual que por factores físicos y químicos propios del sustrato, entre otros. El presente estudio se realizó en áreas correspondientes al Trapecio Amazónico Colombiano. En los suelos circunscritos a los municipios de Leticia y Puerto Nariño se hallaron correlaciones significativas entre la densidad de *Annelida* y los porcentajes de carbono orgánico, materia orgánica y nitrógeno total, en tanto que, en el área correspondiente al corregimiento departamental de Tarapacá, la correlación se presentó con: la humedad, densidad aparente, y porosidad. Se infiere de las observaciones realizadas en las zonas donde se efectuaron los muestreos que la densidad de *Annelida* esta influenciada más por el uso al que es sometido el suelo que por el tipo de paisaje donde éste se encuentra. Adicionalmente, se reporta la presencia de *Hirudinida* en tres sitios diferentes, dentro del perfil edáfico.

Palabras clave: *Annelida*, paisaje, suelo, densidad.

LAS AVISPAS BANDERA (*Hymenoptera: Evaniidae*) DE COLOMBIA

GISELLE ZAMBRANO GONZÁLEZ¹, FERNANDO FERNÁNDEZ²,
FRANCISCO SERNA³

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias,

²Instituto de Ciencias Naturales, Facultad de Ciencias,

³Facultad de Agronomía,

Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá.

RESUMEN

La familia *Evaniidae* está representada por un número relativamente pequeño de géneros y especies dentro del orden *Hymenoptera*. Son avisipas de tamaño medio, sin aguijón y solitarias que parasitan ootecas de cucara-

chas. Se realizó un estudio de reconocimiento genérico de la familia *Evaniidae* para Colombia y su distribución a partir de colecciones entomológicas. El primer capítulo, "Sistemática y taxonomía de *Evaniidae*", pretende ser el reflejo de un trabajo realizado por más de un año, de curadoría y determinación de especímenes presentes en colecciones entomológicas, donde se propone una clave taxonómica para la identificación de los seis géneros de evánidos encontrados en Colombia y un análisis de los caracteres utilizados para la misma. El segundo capítulo, "Biología de *Evaniidae*", es una recopilación de todos los estudios existentes sobre la biología de la familia, en donde se hace evidente la falta de trabajo sobre el tema y el desconocimiento básico de algunos aspectos que podrían ser muy útiles para la implementación de nuevas estrategias de control biológico. El tercer capítulo, "Distribución geográfica de los géneros de la familia *Evaniidae*", muestra como los diferentes géneros de la familia se encuentran distribuidos dentro del territorio colombiano y presenta el estado actual del muestreo de la familia dando información para poder definir áreas de concentración de muestras o áreas posteriores de muestreo. Por último, se presentan las conclusiones y recomendaciones finales que permitan dar una idea del trabajo que queda por hacer y los pasos a seguir.

Palabras clave: *Evaniidae*, avispas, taxonomía, distribución, sistemática, clave taxonómica.

VARIABILIDAD DE LOS VNTRS 33-MEROS EN LAS REGIONES $\psi\epsilon 1$ -Ca1 Y C ϵ -C $\alpha 2$ DEL LOCUS IGHC HUMANO

JOHAN MANUEL CALDERÓN RODRÍGUEZ¹, GENOVEVA KEYEUX²

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias

²Instituto de Genética

Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá.

RESUMEN

El locus IGHC, presente en el cromosoma 14, es una familia multigénica compuesta por 11 genes organizados de tal forma: C μ -C α -C β -C γ -C δ -1- ψ -1-C δ -1- ψ -2-C δ -4-C ϵ -C $\alpha 2$. Este locus resulta ser muy polimórfico debido entre otras cosas a secuencias internamente repetitivas (regiones Switch o S) que se encuentran corriente arriba de cada gen, excepto en el gen C δ . Estudios previos encontraron una alta variabilidad de las regiones switch ψ (~2 kb corriente arriba de cada gen C δ) en la población negra colombiana. Esta alta variabilidad puede deberse a los VNTRs 33-meros encontrados corriente arriba de cada switch ψ . Para encontrar el papel de los VNTRs en la alta variación de estas regiones, se analizaron las secuencias de las regiones intergénicas $\psi\epsilon 1$ -1 y $\psi\epsilon 2$ para diseñar los primers que permitan amplificar los VNTRs e identificar sus diferentes alelos y posteriormente comparar estos alelos con las variantes de las regiones S- obtenidas con Southern Blot.

Palabras clave: IGHC, humano, variabilidad genética, VNTRs.