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 permiten 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 ψε1-Ca1 Y Cε-Cα2 DEL LOCUS IGHC HUMANO

JOHAN MANUEL CALDERÓN RODRÍGUEZ[1], GENOVEVA KEYEUX[2]
[1]Departamento de Biología, Facultad de Ciencias
[2]Instituto 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: Cμ-C_-C_3-C_1-ψ_1-C_1-ψ_-C_2-C_4-Cε-C_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_. Estudios previos encontraron una alta variabilidad de las regiones switch _ (~2 kb corriente arriba de cada gen C_) en la población negra colombiana. Esta alta variabilidad puede deberse a los VNTRs 33-meros encontrados corriente arriba de cada switch _. Para encontrar el papel de los VNTRs en la alta variación de estas regiones, se analizaron las secuencias de las regiones intergénicas ψε1-_1 y _-_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.