

te; para capturar murciélagos se usaron redes de niebla, y para registrar medianos y grandes mamíferos se hicieron recorridos de observación diurnos, búsqueda de rastros y entrevistas. Se registraron en total 61 especies de mamíferos pertenecientes a 11 órdenes; el orden más diverso fue *Chiroptera* con un total de 15 especies, seguido por el orden *Carnívora* con un total de 14 especies y el orden *Rodentia* con 13 especies. Se amplía la distribución latitudinal de las especies *Platyrrhinus nigellus* y *Dermanura bogotensis*; y se reporta como registro nuevo para Colombia la especie *Marmosops neblina*.

Palabras clave: mastofauna, Colombia.

INTERACCIONES PLANTA-INSECTO-PARASITOIDE EN SEMILLAS DE *Alchornea grandiflora* (*Euphorbiaceae*) EN EL SANTUARIO DE FAUNA Y FLORA OTÚN-QUIMBAYA

DUBERNEY GARCÍA GARCÍA, ORLANDO VARGAS RÍOS

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia,
Sede Bogotá, Colombia.
dugar80@yahoo.com.br

RESUMEN

Se estudió la depredación pre-dispersión por insectos en semillas de *Alchornea grandiflora* y algunos aspectos de la interacción con parasitoides. Se colectaron frutos de nueve árboles por medio de trampas de semillas. La depredación se evaluó con categorías de daño y se determinó la influencia de algunos atributos de las semillas, como tamaño y estado de madurez. Así mismo, se determinaron las especies depredadoras de las semillas, los niveles de daño asociados, la duración de sus estados inmaduros y la interacción con parasitoides. Se encontraron diferencias significativas en la cantidad y el tamaño de semillas producidas por cada árbol durante la temporada de cosecha. De 60 a 90% de las semillas de *A. grandiflora* presentaron niveles de depredación elevados, ejercidos principalmente por dos especies de lepidópteros, *Gnorimoschema* sp. y *Gelechia* sp., cuya frecuencia fue de hasta 60% por árbol. Las semillas fueron dispersadas en diferente estado de madurez, factor que influencia en gran medida los niveles de daño. La depredación constituye la mayor fuente de mortalidad de las semillas y los árboles con la mayor producción de frutos presentaron los porcentajes de depredación más bajos, lo que sugiere un mecanismo de saciación. Se encontraron ocho especies de parasitoides con diferentes estrategias parasíticas asociados con los depredadores de las semillas en estados inmaduros, todas ellas causando la muerte de sus huéspedes en estados larvales avanzados, por lo que el control sobre la depredación no es inmediato. El aborto de las semillas constituye un segundo factor relevante para la mortalidad.

Palabras clave: *A. grandiflora*, semillas, parasitoides, pre y post-dispersión.

PRODUCCIÓN DE PLANTAS TRANSGÉNICAS DE *Solanum phureja* VARIEDAD YEMA DE HUEVO CLON 1 MEDIADA POR *Agrobacterium tumefaciens*

ELBA CRISTINA DÍAZGRANADOS DAZA, ALEJANDRO CHAPARRO GIRALDO

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia,
Sede Bogotá, Colombia.
cristinadiazgranados@hotmail.com

RESUMEN

El objetivo general de este proyecto fue la producción de plantas transformadas genéticamente de *S. phureja* variedad Yema de Huevo Clon 1 que sean potencialmente tolerantes a insectos, rasgo conferido por la inserción en su genoma del gen *mir12* derivado del pomelo (*Citrus paradisi*) que codifica para un inhibidor de proteasas de tipo Serina. Se trabajó con el sistema de transformación mediado por *Agrobacterium tumefaciens* utilizando la cepa LBA4404 que contiene el plásmido residente pAL4404 y el vector binario pNOV022 el cual contiene el gen de interés *mir12*. Se utilizaron como explantes entrenudos con una longitud de 0,5 a 1 cm provenientes de material *in vitro* entre cuatro a cinco semanas de edad, los cuales fueron co-cultivados en una concentración bacteriana de 1/50, para posteriormente ser colocados en medio de regeneración sin agente de selección. Se encontró que el medio de regeneración más apropiado esta compuesto por Zeatina Ribósido (ZR 2 mg/L), ácido naftalenacético (ANA 0,04 mg/L) y ácido giberélico (AG3 0,1 mg/L) en el cual se logró obtener un 87,6% de calogénesis y un 48,6% de regeneración. Posteriormente se estableció una población de individuos potencialmente transgénicos, a partir de los cuales se realizó una extracción de DNA, organizando los extractos en *pools* de diez individuos, obteniéndose un total de 52 *pools*, a partir de 520 individuos. Se utilizaron cuatro diferentes cantidades de DNA para un volumen final de 50 µl en la PCR: 150 ng; 300 ng; 600 ng; 1.200 ng y se realizó PCR para los dos genes *mir12* (IP) y *manA* (PMI). Tras el análisis por electroforesis de los resultados de la PCR para cada uno de los

pools no se observó la señal de amplificación específica de los genes de interés, en tanto que se observó la señal para los genes endógenos de control. Finalmente se analizaron 62 clones provenientes de un segundo ensayo de transformación, los cuales fueron analizados individualmente. Se trabajó con una cantidad de DNA de 600 ng y se realizó PCR para los dos genes *mirl2* (IP) y *manA* (PMI), siguiendo las mismas condiciones de trabajo. En esta segunda población de regenerantes no se observó la amplificación específica para los genes de interés, sin embargo se observó la señal para los genes endógenos de control.

Palabras clave: *S. phureja*, transfección gen, inhibidor proteasa.

ESTUDIO INMUNOHISTOQUÍMICO DE DOS CO-TRANSPORTADORES DE LA FAMILIA SLC5 EN EL SISTEMA DIGESTIVO DE RATÓN

ELEONORA BERNAL PINILLA, CLARA MATILDE SPINEL

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia.

eleber60@yahoo.com

RESUMEN

Los transportadores (Simporter de Sodio/Yoduro, NIS y Transportador Apical de Yoduro, AIT) pertenecen a la familia de proteínas de membrana, SLC5 las cuales pueden encontrarse también en tejidos extratiroideos. Para el estudio de la localización celular de los co-transportadores se usaron anticuerpos policlonales que detectarían la proteína por el proceso de inmunohistoquímica. El transportador AIT fue inespecífico mientras NIS fue estandarizado en tejido de tiroides. En el sistema digestivo, NIS fue detectado en glándulas salivales, mucosa gástrica, dependiendo de la sección del tracto, y en páncreas, mostrando en este último, un comportamiento atípico de este co-transportador. Este trabajo retoma la teoría de la recirculación, el papel antimicrobiano y el rol antioxidante dado por el yoduro a lo largo del sistema. Además, de mostrar los beneficios de usar este tipo de proteínas como una herramienta para el conocimiento del metabolismo, las enfermedades autoinmunes y el cáncer.

Palabras clave: tiroides, inmunohistoquímica, transportadores de membrana.

TIPIFICACIÓN MOLECULAR POR PCR-RFLPS DE CEPAS *Trypanosoma* sp. AISLADAS EN CAMPO Y EVALUACIÓN DE GANADOS DE LA ORINOQUIA COLOMBIANA

ELIZABETH REGINA CASSALETT BUSTILLO¹, VÍCTOR JULIO VERA²

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, ²Instituto de Genética, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia.

ecassalett@yahoo.es - ecassalett@hotmail.com

RESUMEN

En este estudio se presentan los primeros resultados obtenidos al utilizar como una herramienta diagnóstica, técnicas moleculares de PCR y RFLPs sobre la subunidad ribosomal 18S del DNA del *Trypanosoma*. La PCR-RFLPs se estandarizó al utilizar tres cepas de *Trypanosoma* (*Trypanosoma vivax*, *Trypanosoma evansi* y *Trypanosoma theileri*) pertenecientes al Banco de Germoplasma de Hemoparásitos de Corpoica, las cuales fueron multiplicadas en ovinos de lana y purificadas por medio del método de cromatografía de intercambio iónico. Con la PCR semi-automatizada se obtuvieron los primeros amplificadores de las tres cepas de *Trypanosoma* entre 700 a 800 pb, y de 600 a 700 pb en la segunda amplificación. Usando las enzimas de digestión *MspI* y *Eco57I* se obtuvieron diferentes perfiles diferenciando las infecciones por *Trypanosoma vivax*, *Trypanosoma evansi* y *Trypanosoma theileri*. Con base en la información obtenida con las tres cepas de *Trypanosoma*, se trabajaron 70 muestras de sangre de ganados del piedemonte llanero, colectadas por el método del *Buffy coat*, los cuales fueron reportados como negativos a *Trypanosoma* bajo pruebas parasitológicas de Woo y extendido de sangre. De las 70 muestras bovinas, con la PCR se detectaron como animales positivos a *trypanosoma* un 7,14%, con niveles de sensibilidad en campo de la prueba de 25 *trypanosomas/ml* de sangre parasitada. De los animales positivos, los patrones de digestión obtenidos correspondieron a la cepa *Trypanosoma theileri* en un 80%, y un 20% a la cepa *Trypanosoma vivax*. Los resultados que se obtuvieron del estudio morfométrico en las especies *T. vivax* y *T. evansi* del Banco de Germoplasma de Corpoica, mostraron que el *T. vivax* es un parásito con mayor longitud (20-25 μm) que el *T. evansi* (18-19 μm), aunque el flagelo libre de este último siempre fue mayor (7-9 μm) al igual que el diámetro de su núcleo. En ambos parásitos la posición del núcleo fue central y la posición del quinetoelasto terminal.

Palabras clave: *Trypanosoma*, gen ribosomal 18S, diagnóstico.