

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.