

MODELO DE PROBABILIDAD DE UBICACIÓN DE LARVAS DE *Lepidoptera: Noctuidae* EN PLANTAS DE *Solanum marginatum* (*Solanaceae*)

EDUARDO RUDAS BURGOS, NATALIA RUÍZ RODGERS

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

RESUMEN

Se adaptó el modelo sugerido por Neuvonen (1999) para explicar la ubicación de larvas de *Lepidoptera: Noctuidae* en plantas de *Solanum marginatum* L. f. de acuerdo a la arquitectura de la planta. Puesto que no fue posible encontrar larvas, únicamente se desarrolló teóricamente el modelo, planteando la ecuación, y las restricciones pertinentes. Se midieron los diámetros del tallo y ramas en algunas plantas para determinar el comportamiento del modelo, usando la ecuación desarrollada. El modelo solo es aplicable a la parte de la planta que se ramifica sin hojas y las hojas del final de la rama que las porta se consideran como un solo grupo de hojas donde la larva comerá. Cuando la planta tiene pocas ramificaciones la probabilidad más alta está en la rama terminal y cuando tiene muchas ramificaciones las probabilidades se distribuyen más uniformemente en la planta. Se planteó como evaluar el modelo con la ubicación real de las larvas. Se realizará una prueba de ~ 2 en cada planta para probar que no hay diferencia significativa entre la distribución que predice el modelo y la distribución de larvas y se combinarán los resultados con una prueba de combinación de probabilidades de pruebas de significancia para aceptar o rechazar las hipótesis nulas.

Palabras clave: larvas, *Noctuidae*, *S. marginatum*, modelo de evaluación.

AISLAMIENTO DE SECUENCIAS DE CISTEÍN PROTEASAS EXPRESADAS EN LA INTERACCIÓN *Brachiaria-Salivazo*

FEDERICO RODA FORNAGUERA, ALEJANDRO CHAPARRO

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

RESUMEN

El ataque del salivazo induce en genotipos resistentes de *Brachiaria* la transcripción de un mARN que codifica para una proteasa de la familia de las papainas. En tres genotipos del pasto, caracterizados por presentar diferentes grados de resistencia al insecto, se aislaron secuencias genómicas y cDNA de homólogos a este transcripto, candidato a mediador de la antibiosis. Estas secuencias conforman una familia génica en la cual habrían ocurrido recientes eventos de duplicación (la similitud entre ellas es superior al 97%). Las proteínas que se traducirían de estos genes (BCPs) presentan las características distintivas de las papainas similares a Catepsinas L: una señal N-terminal de translocación al ER, un propéptido inhibitorio con los motivos ERFNIN y GNFD y un dominio catalítico conservado. Las BCPs forman un clado muy divergente de los demás grupos de papainas reportados lo cual dificulta la realización de predicciones funcionales. Sin embargo (1) la detección de elementos reguladores en los mARNs, (2) el hecho de que las BCPs sean apoplásticas y similares a enzimas de xilema, y (3) el aislamiento de una proteasa truncada que podría tener un efecto inhibitorio sobre la BCP expresada en el susceptible infestado, permiten proponer rutas por las que se媒介aría el efecto antibiótico.

Palabras clave: *Brachiaria*, cisteína proteasa

LOS NOMBRES COMUNES DE LAS PLANTAS DE LA REAL EXPEDICIÓN BOTÁNICA DEL NUEVO REINO DE GRANADA

MARGARITA PALOMA CRUZ GÓMEZ

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

RESUMEN

Se estudiaron los nombres comunes recogidos por José Celestino Mutis en la Nueva Granada hacia finales del siglo XVIII. Se investigó el origen de los nombres y se identificaron las especies hasta donde fue posible con la