

Financiación: Este trabajo fue financiado por *United States National Institutes of Health NIH-USA*, Proyecto # R03AI076710 a MMC

Un tema central en ecología de comunidades es la comprensión de los factores que determinan la composición de especies, su diversidad y variación. La importancia no se centra en el número exacto y la identidad de todas las especies en un sitio determinado, sino en cómo la diversidad y la composición varían en y entre los sitios. El objetivo de este estudio fue caracterizar la composición y diversidad de mosquitos del género *Anopheles* (Diptera: Culicidae) a diferentes escalas espacio-temporales, en 6 localidades de dos áreas endémicas para malaria en Colombia: la región del Urabá-Bajo Cauca-Alto Sinú (UCS) y la Pacífica (PAC). Las localidades evaluadas fueron visitadas cuatro veces, cada tres meses, entre noviembre de 2008 y junio de 2010. Los mosquitos fueron recolectados en cebo humano, bajo consentimiento informado, en el intra y peridomicilio, durante cinco noches consecutivas (18:00-24:00 h) y una noche adicional (18:00-06:00 h). Se capturaron un total de 9.839 especímenes, que correspondieron a 10 especies. La especie *Anopheles nuneztovari* y *An. darlingi* fueron las de mayor abundancia [4.645 especímenes (47,21%) y 3.982 (40,47%), respectivamente], mientras que de *An. costai/forattinii* solo fue recolectado un individuo (0,01%). Se registró una mayor riqueza de especies en PAC, cuya curva no alcanzó su asíntota con 4.000 especímenes, mientras que UCS alcanzó su asíntota con 1.000 especímenes. A nivel local, se encontró mayor diversidad en Puerto Libertador, El Bagre y Vigía del Fuerte (localidades en UCS). Se presentó mayor diversidad en el peri-domicilio que en el intra-domicilio, alcanzando ambas curvas su asíntota con 4.000 especímenes. Estos resultados muestran que *An. nuneztovari* y *An. darlingi*, son importantes vectores en Colombia como especies predominantes en ambas regiones endémicas, lo que sugiere su papel importante en la transmisión de malaria en estas zonas.

Variabilidad morfométrica y molecular en poblaciones de *Anopheles albimanus* (Diptera: Culicidae) de las regiones Caribe y Pacífica de Colombia

Giovan Gómez¹, Edna Márquez², Margarita Correa¹

¹ Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

² Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia. Medellín (Antioquia), Colombia

Financiación: Este trabajo se deriva de proyectos financiados por the *United States National Institutes of Health-NIH* R03AI076710 a MMC y Comité para el Desarrollo de la Investigación-CODI, Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia, código 8700-1615, a MMC. GG recibe financiación para su formación doctoral del Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación-Colciencias.

La especie *Anopheles albimanus* es uno de los principales vectores de malaria en Colombia. Las regiones colombianas Caribe y Pacífica presentan diferencias ambientales que podrían haber conducido a procesos de adaptación local por parte de poblaciones de *An. albimanus*. Se evaluó la diversidad genética y morfométrica del ala derecha en especímenes de localidades en cuatro departamentos de

la región Caribe (Antioquia, Córdoba, Magdalena y Bolívar) y tres de la región Pacífica (Chocó, Nariño y Valle del Cauca). El análisis genético basado en cuatro microsatélites, separó las localidades principalmente por regiones (PhiRT = 0,068; $p = 0,001$) pero se encontraron diferencias genéticas al interior de cada región excepto entre Nariño y Chocó (PhiPT = 0,003; $p = 0,312$). El análisis de la conformación alar de las localidades del Caribe mostró diferencias morfométricas concordantes con las diferencias detectadas por microsatélites, lo cual apoya su base genética. El análisis morfométrico de la conformación alar en las localidades del Pacífico mostró diferencias entre poblaciones genéticamente similares, sugiriendo un papel de la plasticidad fenotípica en la diversidad morfométrica de la conformación alar. En tamaño, se encontró que la población de Antioquia difiere significativamente de las demás y que Bolívar presenta diferencias con Chocó y Nariño ($p < 0,05$). Los resultados en conjunto, sugieren la presencia de diferentes acervos genéticos de esta especie en las regiones Caribe y Pacífica, los cuales exhiben plasticidad fenotípica.

Estandarización de PCR específica de metilación para la detección de metilación en los promotores de los genes CDKN2B Y DBC1 en pacientes con leucemia linfoide aguda, leucemia mieloide aguda y leucemia mieloide crónica

Laura M Medina-Gómez¹, Gonzalo Vásquez-Palacio¹, Carlos M Muñetón-Peña¹

¹ Unidad de Genética Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

Financiación: Programa de sostenibilidad 2009-2010. CPT 0905.

Introducción. Muchos pacientes carecen de alteraciones genéticas como mutaciones o traslocaciones y desarrollan neoplasias, este tipo de pacientes son candidatos para la identificación de alteraciones en los patrones de metilación de ciertos genes. La modificación epigenética más común es la hipermetilación de las islas CpG de los promotores, que da como resultado una inactivación génica, generalmente ocurre en genes supresores de tumores, genes que controlan ciclo celular o apoptosis. En el caso de los genes DBC1 y CDKN2B, la hipermetilación de sus promotores se correlaciona con una disminución en la sobrevida de pacientes con LMA. **Objetivo.** Determinar el patrón de metilación de los promotores de los genes CDKN2B y DBC1 en muestras de pacientes con diferentes tipos de leucemias mediante la técnica de PCR específica de metilación (**MSP**). **Metodología.** Se extraerán 45 muestras de ADN provenientes de médulas óseas de pacientes con LLA, LMA o LMC. Se estandarizará la técnica de conversión del ADN con bisulfito de sodio que tiene como finalidad convertir las citosinas no metiladas en uracilos. Se determinará el patrón de metilación de los genes CDKN2B y DBC1 mediante MSP. Se realizará con un par de *primers* para las regiones metiladas de los genes y otro para las regiones no metiladas y se usarán dos controles, uno positivo y uno negativo. El control positivo consiste en un ADN metilado in vitro, y en el control negativo no se adiciona ADN. Los amplicones se correrán en un gel de agarosa al 3%, se espera una banda de 132 pb para CDKN2B y una de 158 pb para *DBC1*. Las muestras que amplifiquen con los *primers* para las regiones metiladas serán secuenciadas. **Resultados esperados.** Se espera encontrar diferencias en los patrones de metilación de los genes CDKN2B y DBC1 entre las muestras de los pacientes.