

**Sociedad Mexicana de Genética
Universidad de Occidente**



CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2012

A 50 AÑOS DEL DESCIFRAMIENTO DEL CÓDIGO GENÉTICO

**MAZATLÁN INTERNATIONAL CENTER
MAZATLÁN, SINALOA, MÉXICO**

DEL 3 AL 5 DE OCTUBRE

MEMORIAS

Revista Internacional de Contaminación Ambiental

volumen 28, suplemento 2, 2012



DiagnoCell Laboratorios, S. A. de C.V.







MEMORIAS

CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2012

SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA

Editores

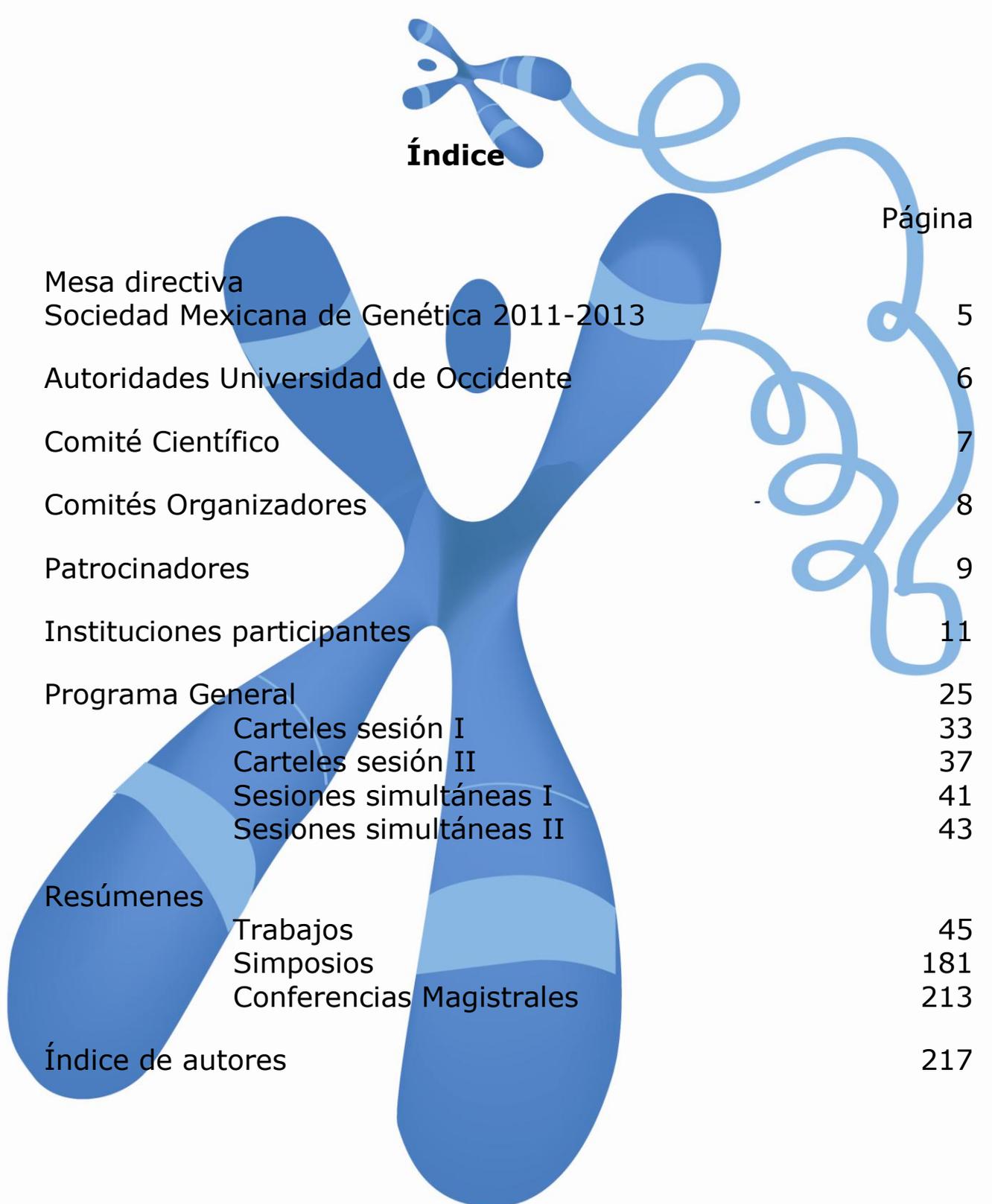
Rafael Valencia Quintana – Juana Sánchez Alarcón
Rafael Villalobos Pietrini – Sandra Gómez Arroyo
Claudio Amescua García

Revista Internacional de Contaminación Ambiental

volumen 28, suplemento 2, 2012

<http://www.revistas.unam.mx/index.php/rica/>





Índice

	Página
Mesa directiva	
Sociedad Mexicana de Genética 2011-2013	5
Autoridades Universidad de Occidente	6
Comité Científico	7
Comités Organizadores	8
Patrocinadores	9
Instituciones participantes	11
Programa General	25
Carteles sesión I	33
Carteles sesión II	37
Sesiones simultáneas I	41
Sesiones simultáneas II	43
Resúmenes	
Trabajos	45
Simposios	181
Conferencias Magistrales	213
Índice de autores	217





SMG 2011-2013

DR. PEDRO RAFAEL VALENCIA QUINTANA

Universidad Autónoma de Tlaxcala
PRESIDENTE

DRA. MARÍA DEL SOCORRO FERNÁNDEZ

Universidad Veracruzana
VICEPRESIDENTA

M. EN C. JUANA SÁNCHEZ ALARCÓN

Universidad Autónoma de Tlaxcala
SECRETARIA

DRA. BEATRIZ PALMEROS SÁNCHEZ

Universidad Veracruzana
TESORERA

M. EN C. GUILLERMO BOJÓRQUEZ RANGEL

Universidad Autónoma de Ciudad Juárez

DRA. JULIETA CASTILLO CADENA

Universidad Autónoma del Estado de México

DRA. REGINA GUADALUPE RODRÍGUEZ REYES

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares

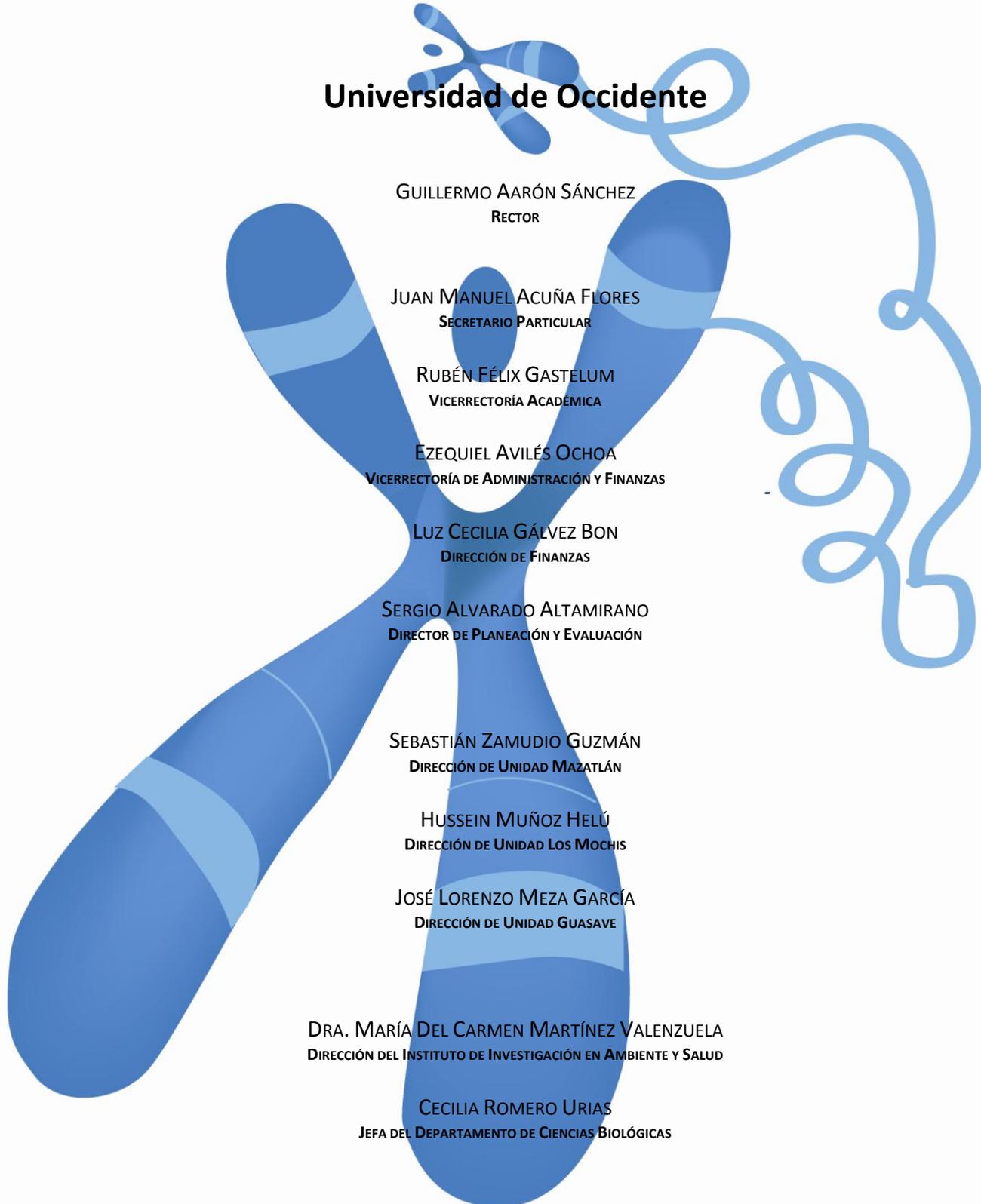
DR. JORGE EDUARDO CAMPOS CONTRERAS

FES-Iztacala UNAM

DRA. AMÉRICA NITXIN CASTAÑEDA SORTIBRÁN

Facultad de Ciencias UNAM

VOCALÉS



Universidad de Occidente

GUILLERMO AARÓN SÁNCHEZ
RECTOR

JUAN MANUEL ACUÑA FLORES
SECRETARIO PARTICULAR

RUBÉN FÉLIX GASTELUM
VICERRECTORÍA ACADÉMICA

EZEQUIEL AVILÉS OCHOA
VICERRECTORÍA DE ADMINISTRACIÓN Y FINANZAS

LUZ CECILIA GÁLVEZ BON
DIRECCIÓN DE FINANZAS

SERGIO ALVARADO ALTAMIRANO
DIRECTOR DE PLANEACIÓN Y EVALUACIÓN

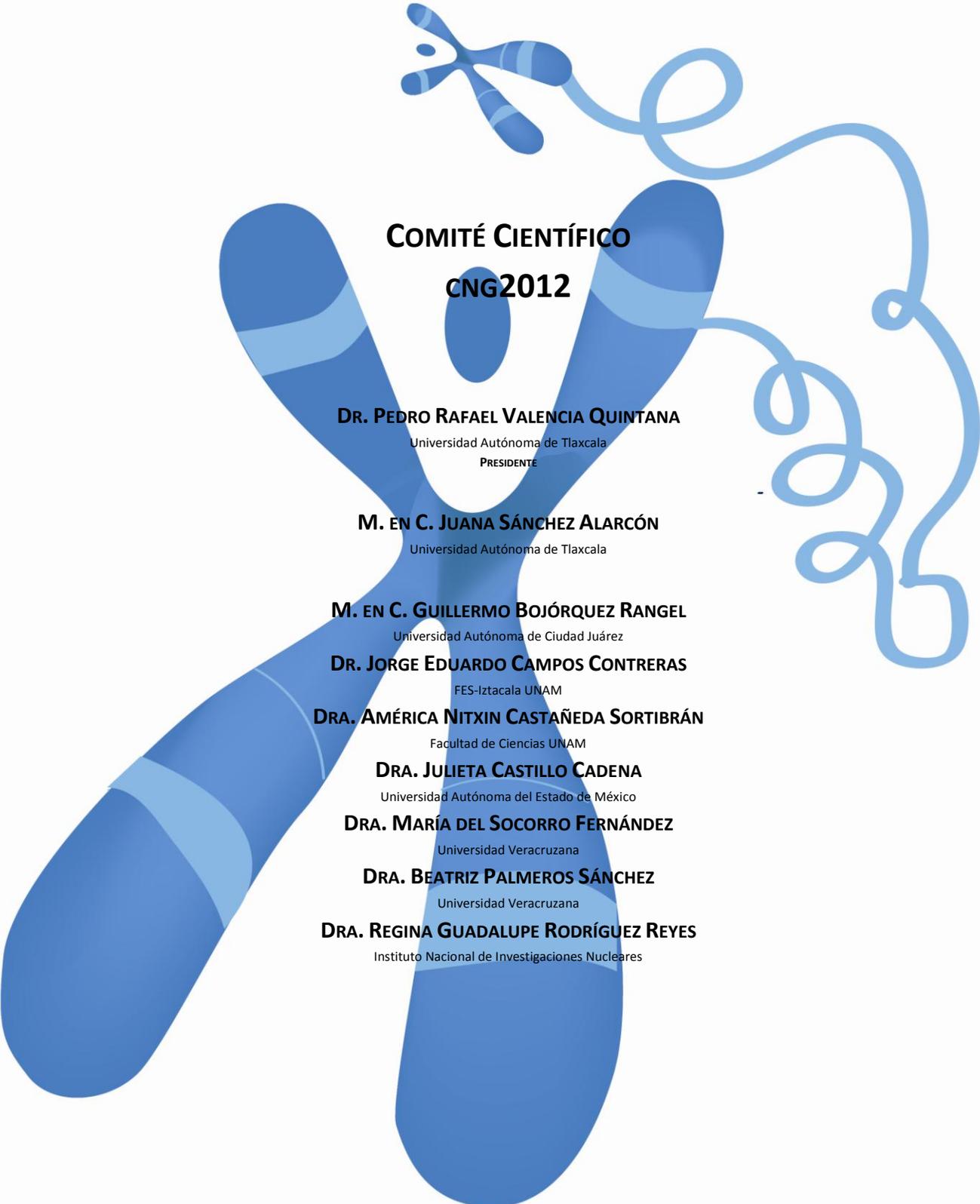
SEBASTIÁN ZAMUDIO GUZMÁN
DIRECCIÓN DE UNIDAD MAZATLÁN

HUSSEIN MUÑOZ HELÚ
DIRECCIÓN DE UNIDAD LOS MOCHIS

JOSÉ LORENZO MEZA GARCÍA
DIRECCIÓN DE UNIDAD GUASAVE

DRA. MARÍA DEL CARMEN MARTÍNEZ VALENZUELA
DIRECCIÓN DEL INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN EN AMBIENTE Y SALUD

CECILIA ROMERO URÍAS
JEFA DEL DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BIOLÓGICAS



**COMITÉ CIENTÍFICO
CNG2012**

DR. PEDRO RAFAEL VALENCIA QUINTANA

Universidad Autónoma de Tlaxcala
PRESIDENTE

M. EN C. JUANA SÁNCHEZ ALARCÓN

Universidad Autónoma de Tlaxcala

M. EN C. GUILLERMO BOJÓRQUEZ RANGEL

Universidad Autónoma de Ciudad Juárez

DR. JORGE EDUARDO CAMPOS CONTRERAS

FES-Iztacala UNAM

DRA. AMÉRICA NITXIN CASTAÑEDA SORTIBRÁN

Facultad de Ciencias UNAM

DRA. JULIETA CASTILLO CADENA

Universidad Autónoma del Estado de México

DRA. MARÍA DEL SOCORRO FERNÁNDEZ

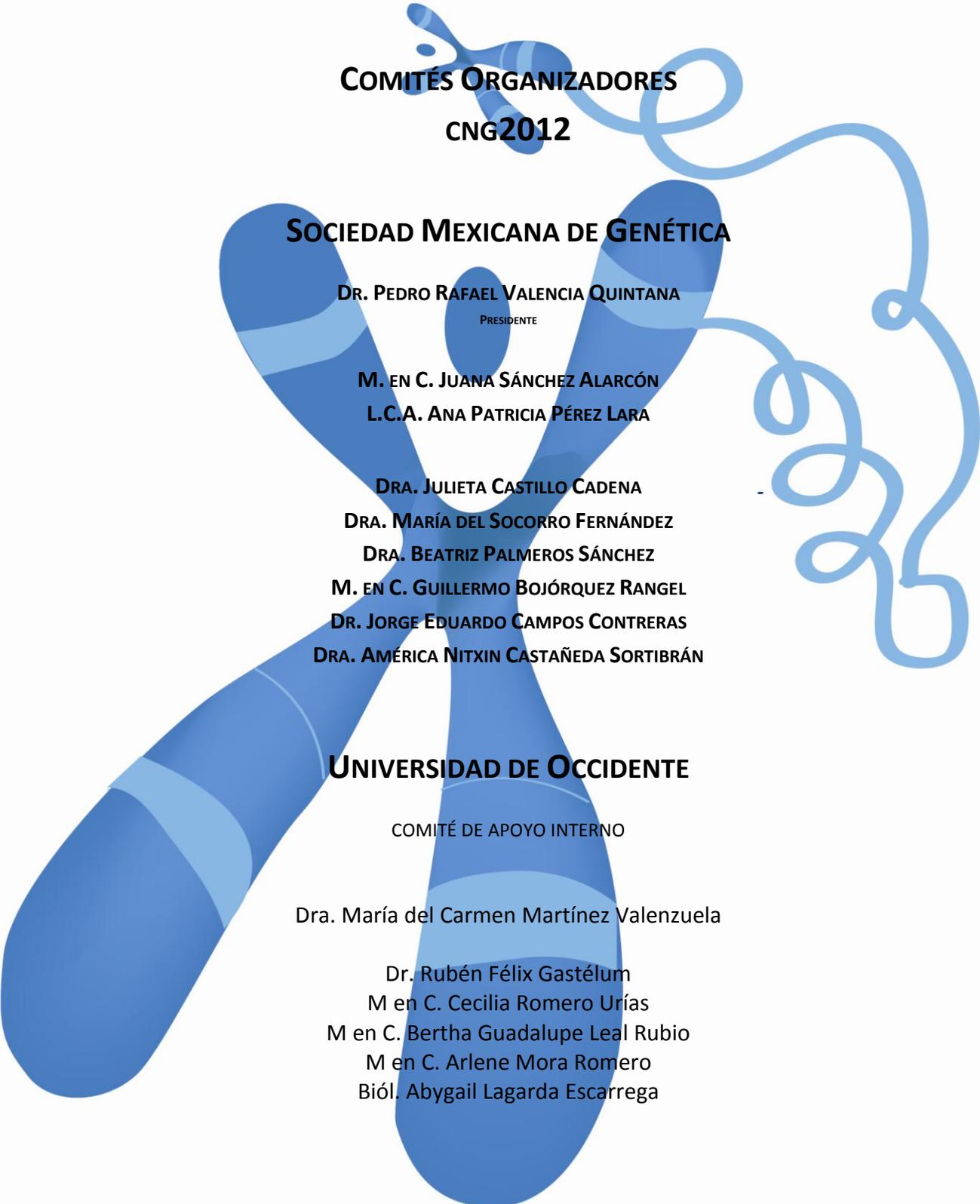
Universidad Veracruzana

DRA. BEATRIZ PALMEROS SÁNCHEZ

Universidad Veracruzana

DRA. REGINA GUADALUPE RODRÍGUEZ REYES

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares



**COMITÉS ORGANIZADORES
CNG2012**

SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA

DR. PEDRO RAFAEL VALENCIA QUINTANA
PRESIDENTE

M. EN C. JUANA SÁNCHEZ ALARCÓN
L.C.A. ANA PATRICIA PÉREZ LARA

DRA. JULIETA CASTILLO CADENA
DRA. MARÍA DEL SOCORRO FERNÁNDEZ
DRA. BEATRIZ PALMEROS SÁNCHEZ
M. EN C. GUILLERMO BOJÓRQUEZ RANGEL
DR. JORGE EDUARDO CAMPOS CONTRERAS
DRA. AMÉRICA NITXIN CASTAÑEDA SORTIBRÁN

UNIVERSIDAD DE OCCIDENTE

COMITÉ DE APOYO INTERNO

Dra. María del Carmen Martínez Valenzuela

Dr. Rubén Félix Gastélum
M en C. Cecilia Romero Urías
M en C. Bertha Guadalupe Leal Rubio
M en C. Arlene Mora Romero
Biól. Abygail Lagarda Escarrega



PATROCINADORES

CNG2012

LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA AGRADECE EL APOYO OTORGADO POR

Secretaría de Turismo

Gobierno del Estado de Sinaloa

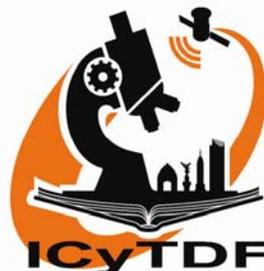
Oralia Rice Rodríguez

SECRETARIA



SINALOA

www.vivesinaloa.com



INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGÍA DEL DISTRITO FEDERAL

CONVENIO No. ICYTDF/141/2012

Dr. Julio Mendoza Álvarez

DIRECTOR GENERAL

**PATROCINADORES
CNG2012**



PROLAB



OLYMPUS

Your Vision, Our Future



DiagnoCell Laboratorios, S. A. de C.V.



QUIMILABCO.®
Quimilab, S.A. de C.V.



INSTITUCIONES PARTICIPANTES

A

Área Académica de Farmacia, Instituto de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

Área Académica de Medicina, Instituto de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

Área Académica de Odontología, Instituto de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

B

Banco de Moscas Facultad de Ciencias, UNAM

Beaulieu-Saucier Université de Montréal Pharmacogenomic Centre, Institut de Cardiologie de Montréal, Université de Montréal, Montréal, QC, Canada

Benemérita Universidad Autónoma de Puebla

Brigham Young University, USA

C

Campaña Nacional Moscas de la Fruta. Programa Moscafrut

Campus de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad Autónoma de Yucatán

CAPASITS-Culiacán

CAPASITS-Mazatlán

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

CCH-Sur, UNAM

Centro de Bioproductos Marinos, Agencia de Medio Ambiente, Cuba

Centro de Biotecnología Genómica, IPN

Centro de Ciencias Agropecuarias, Universidad Autónoma de Aguascalientes

Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM

Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Centro de Estudios Universitarios Xochicalco

Centro de Investigación Científica y Educación Superior de Ensenada, Baja California

Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada (CIBA-IPN)

Centro de Investigación en Energía, UNAM

Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste

Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, BUAP

Centro de Medicina Genómica, Hospital General de Culiacán, Servicios de Salud de Sinaloa.

Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas-IPN (CICIMAR)

Centro Oncológico Estatal del ISSEMyM

Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias U de G, CUCBA

Centro Universitario de la Ciénega. U de G

CIIDIR Durango, IPN

CISALUD, UABC, Campus Ensenada

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

Colegio de Posgraduados, Campus Puebla

Colegio de Posgraduados-Genética

Consejo Estatal de Hemovigilancia, Servicios de Salud de Sinaloa

Coordinación Académica, Universidad Autónoma de la Ciudad de México

D

Departamento Ciencias de la Salud, UAM-Iztapalapa

Departamento de Acuacultura, CIBNOR

Departamento de Anatomía Patológica, IMSS, Área de Ciencias de la Salud,
Campus UAZ Siglo XXI, UAZ

Departamento de Atención a la Salud, UAM-X

Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias, UNAM

Departamento de Biología Comparada, Facultad de Ciencias, UNAM

Departamento de Biomateriales. Instituto de Investigaciones en Materiales,
UNAM

Departamento de Ciencias Agronómicas y Veterinarias, ITSON

Departamento de Ciencias de la Salud, UAM-I

Departamento de Ecología Tropical, Universidad Autónoma de Yucatán

Departamento de Farmacología, Centro de Bioproductos Marinos, Agencia de
Medio Ambiente, Cuba

Departamento de Fitomejoramiento. U.A.A.A.N. UL.Torreón Coahuila

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

Departamento de Genética y Biología Molecular, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN

Departamento de Hematología, Hospital Civil de Culiacán

Departamento de Investigación en Ciencias Agrícolas, Posgrado en Ciencias Ambientales, Instituto de Ciencias, BUAP

Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas, Universidad de Sonora

Departamento de Manejo de Recursos Naturales Tropicales, Universidad Autónoma de Yucatán

Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM

Departamento de Morfología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN

Departamento de Neurocirugía, Hospital Infantil de México Federico Gómez

Departamento de Patología Experimental, Facultad de Medicina Xalapa, UV

Departamento de Patología, Hospital Infantil de México Federico Gómez

Departamento de Producción Agrícola, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias CUCBA, U de G

Departamento Salud Pública, CUCBA, UDG

Department of Family Medicine, CHUS, Sherbrooke, QC, Canada

Department of Pathology, Ste-Justine Hospital, Montreal, QC, Canada

Dirección de Fortalecimiento de la Investigación, Universidad Autónoma de Nayarit

Dirección General de Sanidad Vegetal, SENASICA, SAGARPA

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

Division of Genetics, Department of Pediatrics, Faculty of Medicine and Health Sciences, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, QC, Canada

E

Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN

Escuela Superior de Medicina IPN.

F

Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala

Facultad de Agronomía de la UASLP

Facultad de Arquitectura, BUAP

Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad Simón Bolívar

Facultad de Ciencias Químicas, BUAP

Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Chihuahua

Facultad de Ciencias Químico Biológicas, UAS

Facultad de Ciencias, UABC-Ensenada

Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM

Facultad de Medicina, UNAM

Facultad de Medicina, Universidad Autónoma de Chihuahua

Facultad de Química, UNAM

Facultad de Química, UAEMx

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua

Fundación IMSS

H

Hospital "Santiago Ramón y Cajal" ISSSTE, Durango

Hospital de Especialidades, Instituto Mexicano del Seguro Social

Hospital General de Culiacán

Hospital General de Durango

Hospital General del ISSSTE de Zacatecas

Hospital Infantil de México Federico Gómez

I

INIFAP-Campo Experimental Valle de México

ININ. Centro Nuclear "Dr. Nabor Carrillo Flores"

Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada

Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada (INBIOTECA), UV

Instituto de Ecología, UNAM

Instituto de Investigación en Ambiente y Salud, Universidad de Occidente

Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM

Instituto de Investigaciones en Materiales, UNAM

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

Instituto de Investigaciones Oceanológicas, UABC, Campus Ensenada

Instituto de Medicina Forense, UV

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias
Matamoros Coahuila

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias,
Campo Experimental Las Huastecas

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares

Instituto Politécnico Nacional

Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria

Instituto Tecnológico de Durango

Instituto Tecnológico de Sonora

Instituto Tecnológico de Tlajomulco

Instituto Tecnológico Superior de Misantla

L

Laboratoire de Microbiologie et Biologie Moléculaire, Universidad de Rabat,
Marruecos

Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, CIRAD-IRD-
ENSAM-INRA, Montpellier, Francia

Laboratorio Alejandro Villalobos. Departamento de Hidrobiología. UAM-I

Laboratorio Central de Patología, Instituto Nacional de Rehabilitación

Laboratorio de Análisis Clínicos, Hospital General de Culiacán

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

Laboratório de Biodiversidade e Restauração de Ecossistemas, Departamento de Biologia Geral, CCB, Universidade Estadual de Londrina, Brasil

Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo. Departamento de Ciencias de la Salud División de Ciencias Biológicas y de la Salud, UAM-I

Laboratorio de Biología Celular y Genética, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez

Laboratorio de Biología Molecular y Cultivo de Tejidos Vegetales, Universidad de Colima

Laboratorio de Biología Molecular, Departamento de Neurocirugía. Hospital Infantil de México Federico Gómez

Laboratorio de Biología Molecular, Instituto Tecnológico de Tlajomulco

Laboratorio de Biomedicina Molecular y Citopatología de la Unidad Académica de Ciencias Químico Biológicas, UAG

Laboratorio de Bioquímica, Departamento de Biología Molecular y Genómica, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, U de G

Laboratorio de Ciencias Genómicas. FCB, UANL

Laboratorio de Citogenética Ambiental, CCA, UNAM

Laboratorio de cultivo de moluscos UABCS

Laboratorio de Diagnóstico Molecular de la DGCORENA-SMAGDF

Laboratorio de Enfermedades Crónico Degenerativas. Unidad Académica de Ciencias Químico-Biológicas, UAG

Laboratorio de Genética Acuícola, CIBNOR

Laboratorio de Genética de Organismos Acuáticos del Instituto de Ciencias del Mar y Limnología de la UNAM

Laboratorio de Genética Microbiana, Departamento de Biología, ININ

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

Laboratorio de Genética Toxicológica. Facultad de Estudios Superiores Iztacala

Laboratorio de Genética y Evolución. Departamento de Biología Celular. Facultad de Ciencias. UNAM

Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental, Facultad de Ciencias, UNAM

Laboratorio de Genética, Depto. de Biología Molecular y Celular, U de G

Laboratorio de Genética, Laboratorio de Toxicología Preclínica, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN

Laboratorio de Genotoxicología Ambiental, CCA, UNAM

Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, CCA, UNAM

Laboratorio de Patología y Diagnóstico Molecular, Área de Ciencias de la Salud, Campus UAZ Siglo XXI, UAZ

Laboratorio de Toxicología Ambiental, CCA, UNAM

Laboratorio de Toxicología Ambiental. Facultad de Biología Xalapa, UV.

Laboratorio de Toxicología y Contaminación, Facultad de Ciencias del Mar, UAS

Laboratorio de Toxicología, Facultad de Biología Xalapa, UV

Laboratorio Estatal de Salud Pública "Dr. Galo Soberón y Parra". Secretaría de Salud Guerrero

Laboratorio Genética Toxicológica, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM

Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (LANGEBIO-CINVESTAV)

Laboratorios de Toxicología Ambiental y Química Atmosférica, CCA, UNAM

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

M

Maestría en Ciencias Biomédicas de la FCQB-UAS
Maestría en Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, UAS
Maestría en Educación en Ciencias, BUAP.

P

Posgrado de Ciencias del Mar y Limnología. UNAM
Programa de Semillas del Colegio de Posgraduados

R

Red Investigación Bioquímica, Molecular y Celular de la Interacción de Genes y sus Productos de Expresión en los Sistemas Biológicos

S

SAGARPA
Servicio de Genética, Instituto Nacional de Rehabilitación
Servicio de Hematología, Hospital General de Culiacán
Sociedad Cooperativa de Producción Pesquera "Progreso", S.C. de R.L.
Ste-Justine Hospital, Montreal, QC

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

T

Texas A&M University

Texas A&M University, College Station, Texas USA

U

UA de Biología-UAS

UBIPRO y Herbario IZTA, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM

Unidad Académica de Ciencias Biológicas, Área de Ciencias de la Salud,
Campus UAZ Siglo XXI, UAZ

Unidad Académica de Ciencias de la Tierra, Unidad de Ciencias Químicas,
UAG

Unidad Académica de Ciencias Químicas, Área de Ciencias de la Salud,
Campus UAZ Siglo XXI, UAZ

Unidad Académica de Ciencias Químico-Biológicas, UAG

Unidad Académica de Medicina Humana, Área de Ciencias de la Salud,
Campus UAZ Siglo XXI, UAZ

Unidad Académica Escuela de Biología, UAS

Unidad Académica Facultad de Medicina, Universidad Autónoma de Nayarit

Unidad de Biotecnología Médica y Farmacéutica, CIATEJ, CONACYT

Unidad de Ciencias de la Salud, UAZ

Unidad de Investigación en Biomedicina (UBIMED), FES-Iztacala, UNAM

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental, Facultad de Estudios Superiores-Zaragoza, Campus II, UNAM

Unidad de Investigación Especializada en Microbiología, UAG

Unidad de Investigación Médica en Bioquímica. Hospital de Especialidades, Centro Médico Nacional Siglo XXI, IMSS

Unidad de Investigación Médica en Enfermedades Oncológicas, UIMEO. CMN-XXI, IMSS

Unidad de Investigación, Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias (INER)

Unidad Académica de Ciencias Químicas, Área de Ciencias de la Salud, Campus UAZ Siglo XXI, UAZ

Unidad Académica Medicina Humana, Área de Ciencias de la Salud, Campus UAZ Siglo XXI, UAZ

Unidades Académicas de Ciencias de la Tierra y Ciencias Químicas de la UAG

Universidad Autónoma de Nuevo León

Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro

Universidad Autónoma de Aguascalientes

Universidad Autónoma de Baja California

Universidad Autónoma de Chihuahua

Universidad Autónoma de Ciudad Juárez

Universidad Autónoma de Guadalajara

Universidad Autónoma de Guerrero

Universidad Autónoma de la Ciudad de México

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

Universidad Autónoma de Nayarit

Universidad Autónoma de Nuevo León

Universidad Autónoma de Sinaloa

Universidad Autónoma de Tlaxcala

Universidad Autónoma de Yucatán

Universidad Autónoma de Zacatecas

Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

Universidad Autónoma del Estado de México

Universidad Autónoma del Estado de Morelos

Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa

Universidad Autónoma Metropolitana-Xochimilco

Universidad de California, USA

Universidad de Colima

Universidad de Guadalajara

Universidad de Occidente

Universidad de Rabat, Marruecos

Universidad de Sonora

Universidad Interamericana para el Desarrollo

Universidad Juárez del Estado de Durango

Universidad Nacional Autónoma de México



INSTITUCIONES PARTICIPANTES

Universidad Politécnica de Sinaloa

Universidad Simón Bolívar

Universidad Veracruzana

Universidade Estadual de Londrina, Brasil

Université de Montréal

Université de Sherbrooke, QC, Canada

UTEC Tulancingo





Congreso Nacional de Genética 2012

A 50 años del desciframiento del Código **Genético**

Curso Pre-congreso

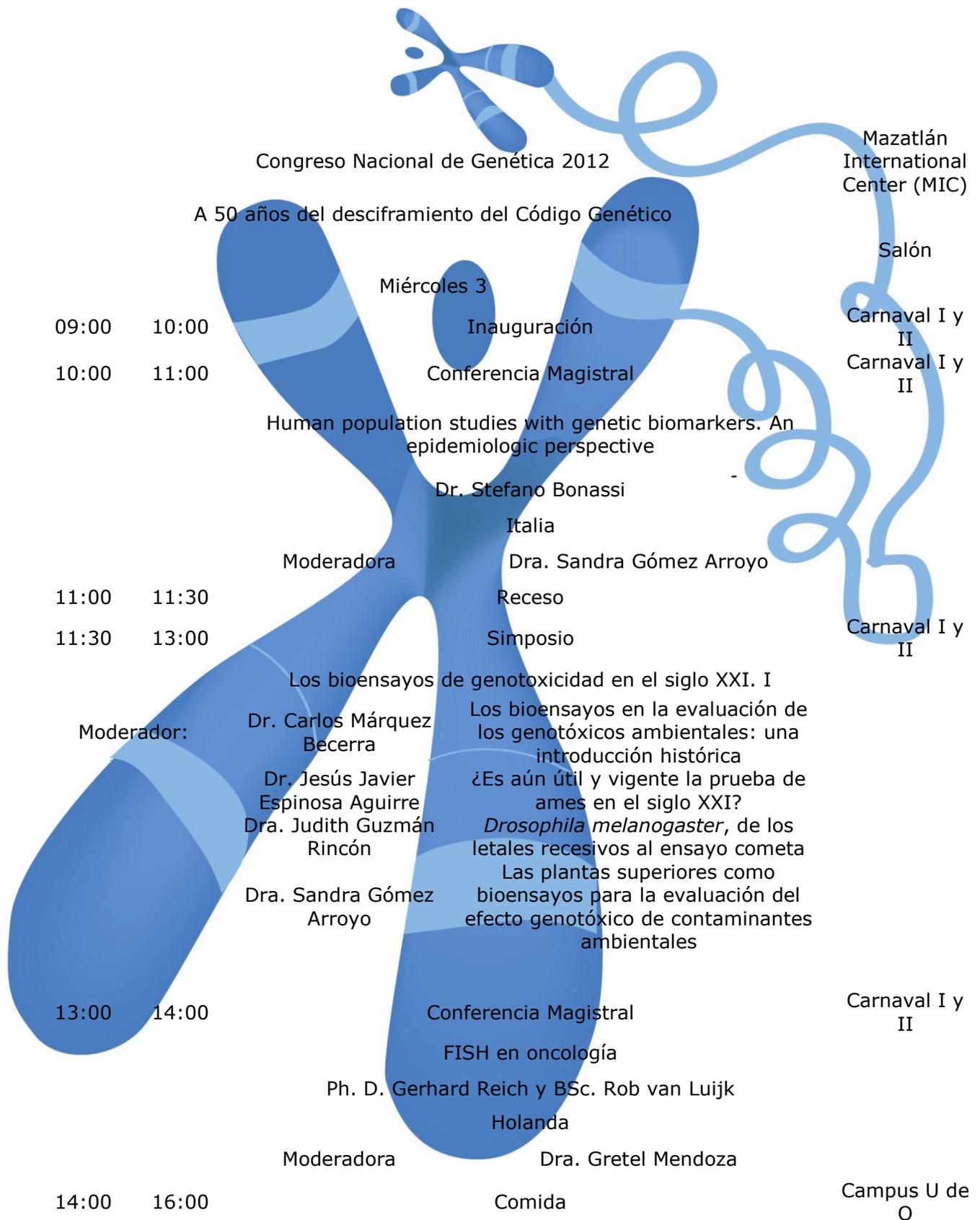
FISH con sondas hematológicas

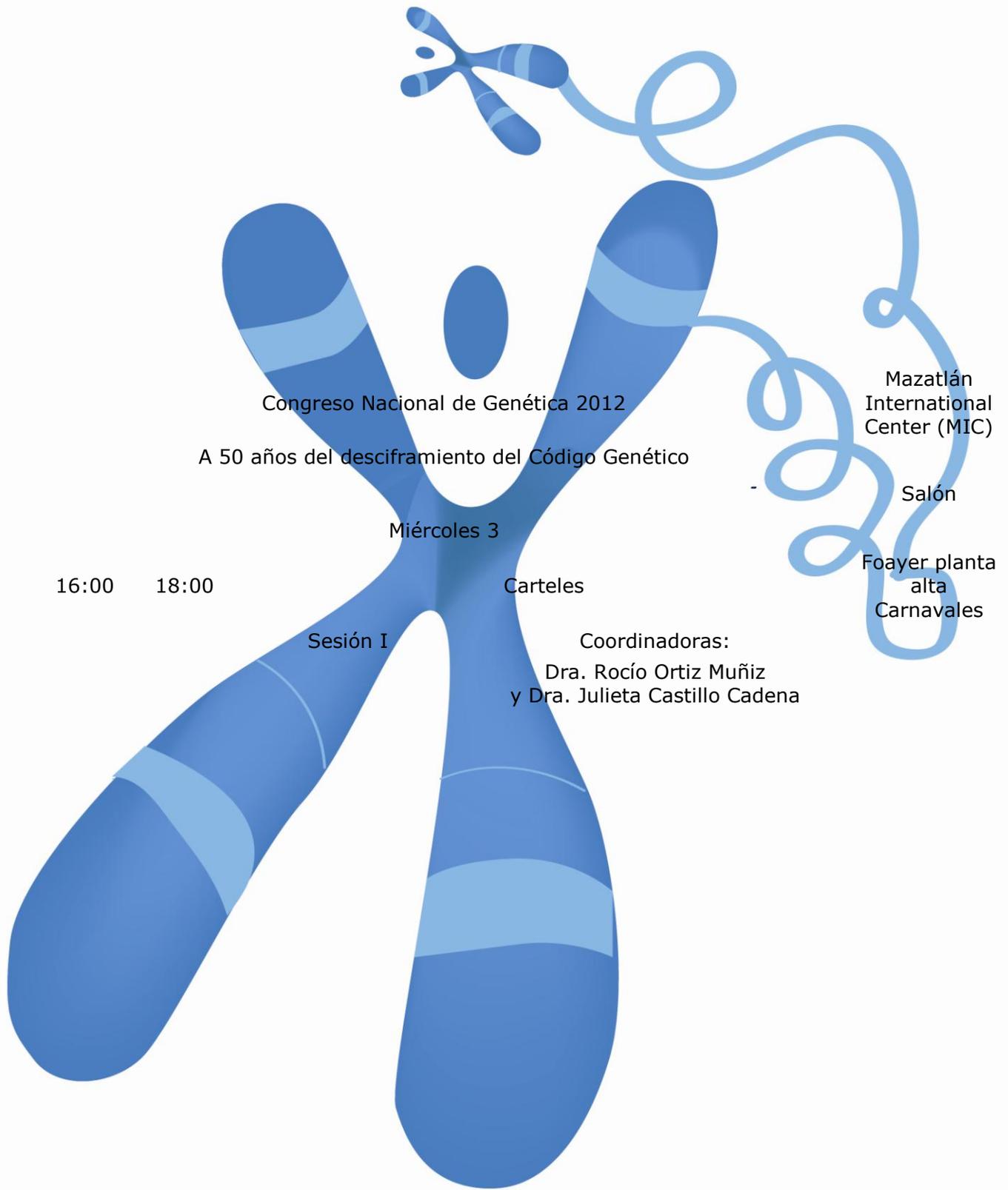
Ph. D. Gerhard Reich y Ph. D. Rob van Luijk

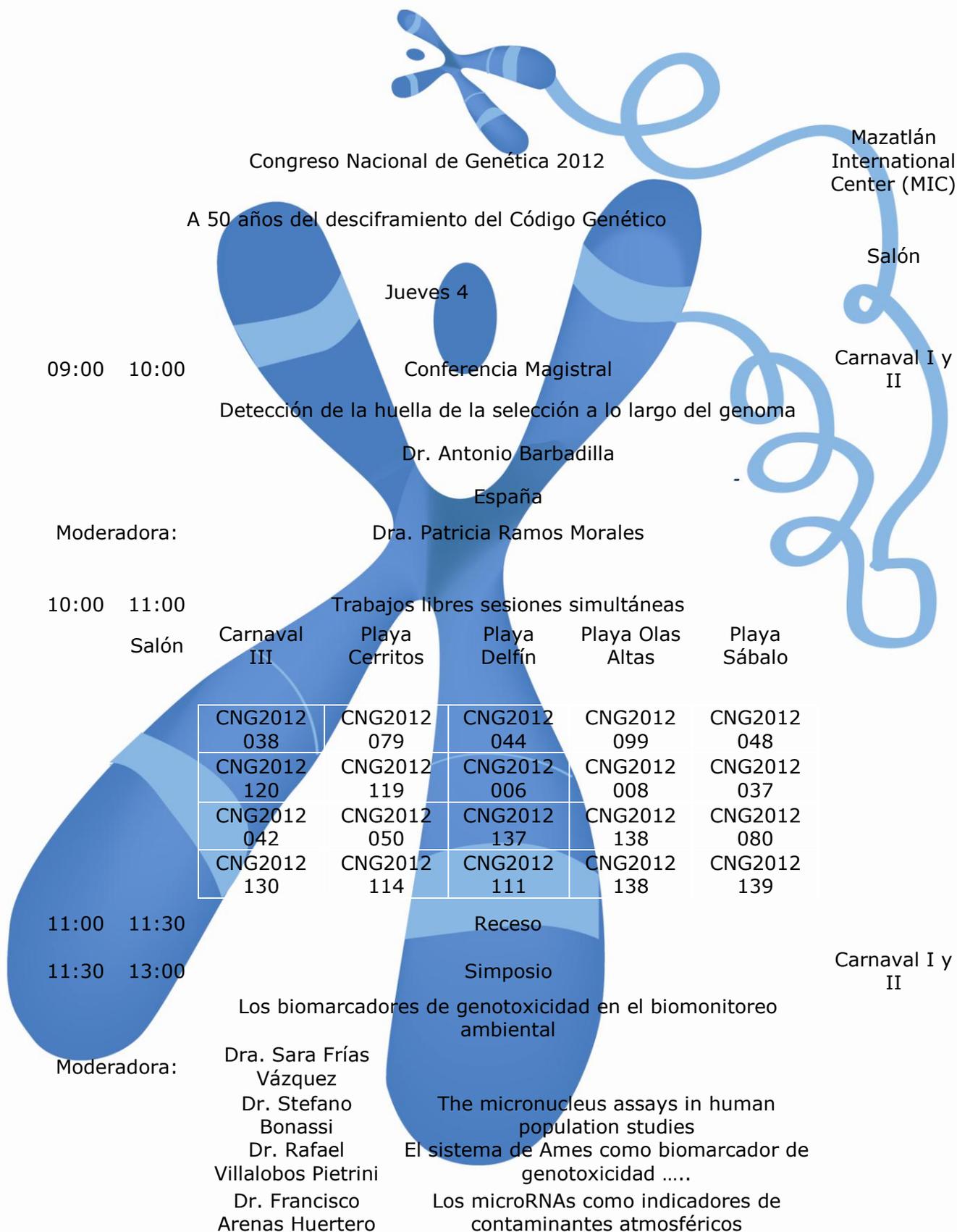
Holanda

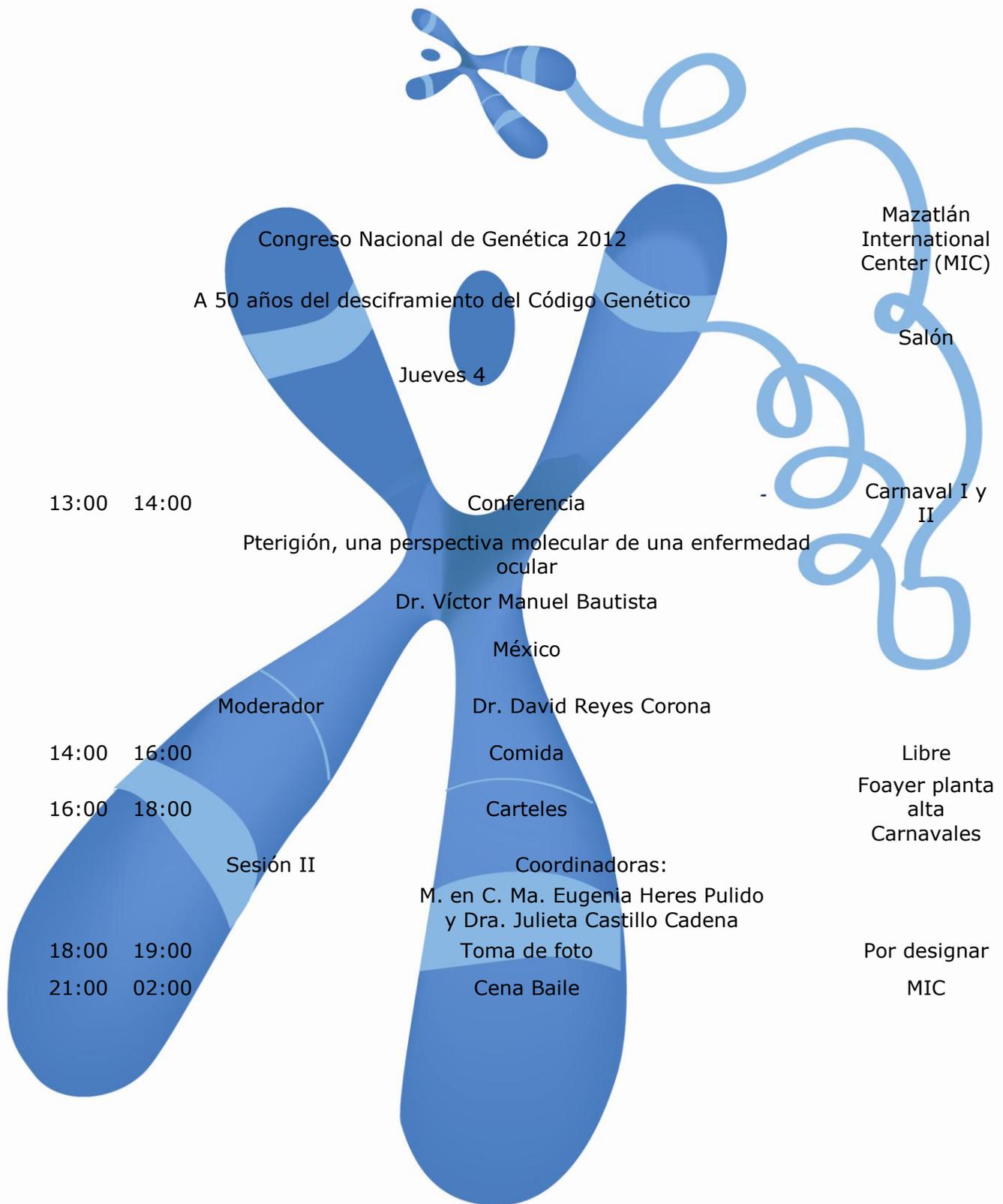
1 y 2 de octubre

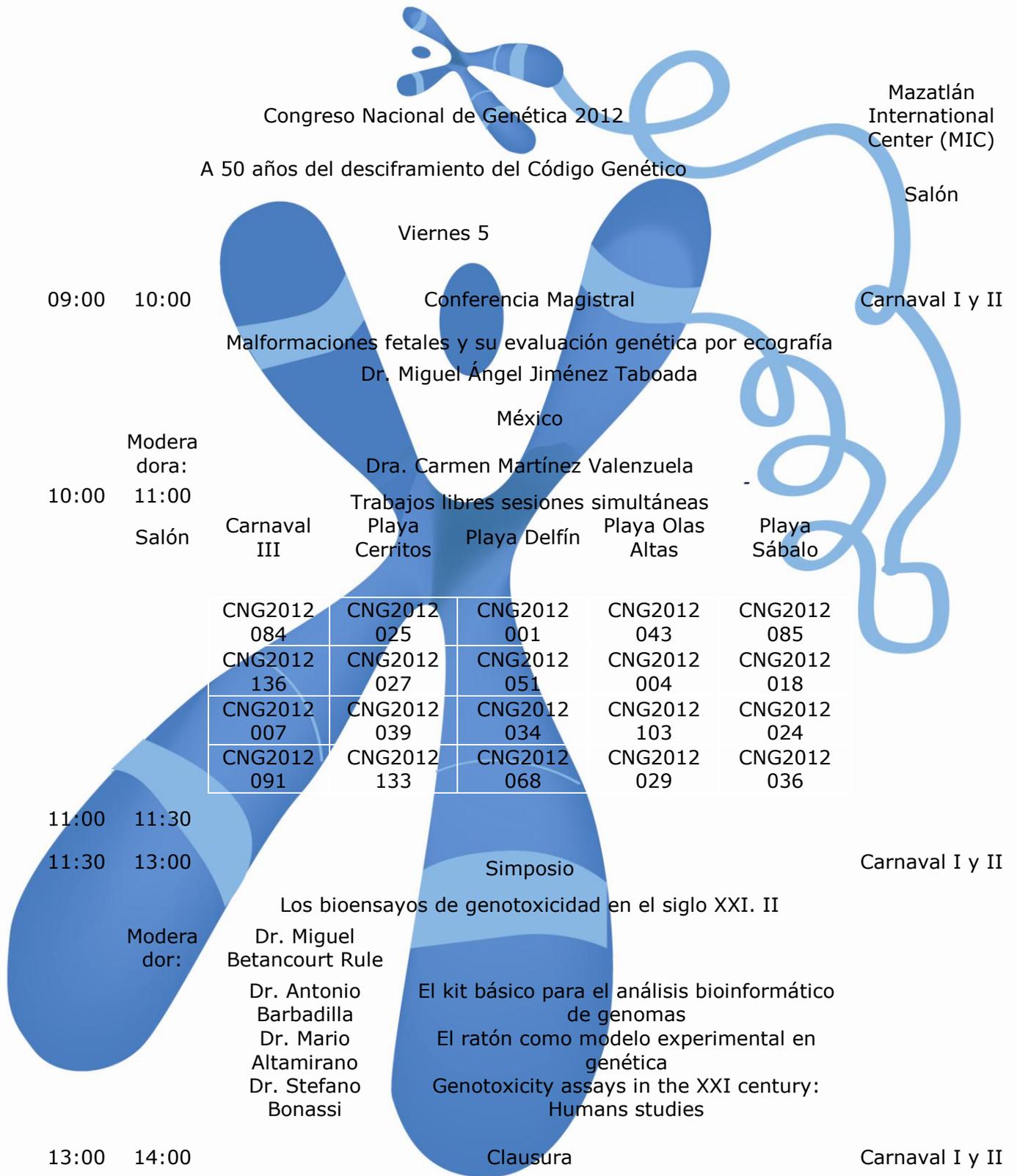
Uniparts y Olympus













Carteles Sesión I Miércoles 3 de octubre de 2012, Foayer planta alta Carnavales

CLAVE	AUTORES	TÍTULO	PÁGINA
CNG2012 002	Torres-García AK, Burrola-Barraza E, Moreno-Brito V, González Rodríguez E y Sánchez-Ramírez B.	EVALUACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE LOS GENES Ago2 Y Ago3 EN EL DESARROLLO EMBRIONARIO TEMPRANO DE BOVINOS	46
CNG2012 009	Pacheco Martínez MM, Cortés-Barberena E, Rodríguez-Cruz L y Ortiz Muñiz R	EFFECTO DE LA DESNUTRICIÓN GRAVE EN LA FRECUENCIA DE RETICULOCITOS MUTANTES MEDIANTE EL ENSAYO Pig-a	53
CNG2012 010	Ibañez-Palacios J, Meza JS y Zepeda-Cisneros CS	GRUPOS DE LIGAMIENTO EN LA MOSCA MEXICANA DE LA FRUTA <i>Anastrepha ludens</i> (Diptera: Tephritidae)	54
CNG2012 013	Galindo-Reyes JG	DAÑOS GONÁDICOS Y ENDÓCRINOS EN OSTIONES (<i>C. corteziensis</i>) CAUSADOS POR HIDROCARBUROS POLICÍCLICOS AROMÁTICOS Y SUS RIESGOS A LA SALUD	57
CNG2012 017	Vázquez-Alvarado P, Ortiz Espinosa R, Muñoz-Juárez S y Hernández-Ceruelos A	DAÑO GENOTÓXICO EN CÉLULAS EPITELIALES INDUCIDO POR FLUORUROS EN AGUA DE CONSUMO HUMANO EN ESTUDIANTES DE TULA DE ALLENDE HIDALGO	61
CNG2012 019	Díaz-Viloria N, Pérez-Enríquez R, Cruz-Hernández P y Aguilar-Osuna D	HERENCIA MENDELIANA EN MICROSATÉLITES DE <i>Haliotis corrugata</i>	63
CNG2012 022	Cázarez-Salazar SG, Díaz-Camacho SP Osuna-Ramírez I, Zamora-Gómez R, Valdez-Chávez K, Estrada-Aguirre A y Velarde-Félix JS	AVANCES DEL ANÁLISIS DE LAS MUTACIONES CCR5Δ32 Y SDF1-3'A EN PACIENTES CON VIH/SIDA SINALOENSES	66
CNG2012 026	Guerrero-Parra HA, Terán-Vargas AP, Reyes-Montes R, Cárcamo-Rodríguez A. Gómez-Arroyo S y Calderón-Ezquerro C	ESTUDIO AEROBIOLÓGICO Y DETECCIÓN MOLECULAR DE UREDOSPORAS DE <i>Phakopsora pachyrhizi</i> CAUSANTE DE LA ROYA ASIÁTICA EN CULTIVOS DE SOYA EN MÉXICO	70
CNG2012 030	Gonzalez-Espinosa L, Rodríguez-Villa A, Gómez-Ávila VM, Hernández-Zamora E, Zavala-Hernández C, Rosales-Cruz E y Reyes-Maldonado E	DETERMINACIÓN DE FACTORES DE LA COAGULACIÓN Y DE LAS PROTEÍNAS C, S, AT Y PLASMINÓGENO EN ADULTOS MAYORES	74
CNG2012 032	Salinas-Alcántara L, Hurtado-Brito P, Talavera-Mendoza O, Díaz-Villaseñor E, García-Martínez RA, Ramírez A, Carbajal-López Y, Gómez-Arroyo S y Calderón-Segura ME	DETECCIÓN DEL DAÑO AL ADN EN EPITELIO DE LA MUCOSA BUCAL EN LA POBLACIÓN INFANTIL DE EL FRAILE EN TAXCO DE ALARCÓN GUERRERO	76
CNG2012 035	Corona Arzola A, Garduño Solórzano G, Martínez García M, Campos Contreras JE, Quintanar-Zúñiga RE y Monsalvo-Reyes A	CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DE ALGUNAS ESPECIES DE <i>Scenedesmus</i> (CHLOROPHYCEAE) DE MÉXICO	79

CLAVE	AUTORES	TITULO	PÁGINA
CNG2012 040	Ronquillo-Sánchez MD, Camacho-Carranza R, Hernández -Ojeda SL y Espinosa-Aguirre JJ	MODULACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE GENES DE METABOLISMO DE XENOBIÓTICOS POR BIOTINA	84
CNG2012 041	Peraza-Vega RI, Ordaz-Téllez MG y Rodríguez-Arnaiz R	EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE LOS COMPUESTOS 5-AZACITIDINA Y 5-AZA-2'-DESOXICITIDINA MEDIANTE EL ENSAYO DE MICRÓNÚCLEOS EN LINFOCITOS DE SANGRE PERIFÉRICA HUMANA	85
CNG2012 047	Sánchez-Estrada L, Gómez-Arroyo S y Villalobos-Pietrini R	DETECCIÓN DE ADUCTOS-ADN DE LINFOCITOS DE SANGRE PERIFÉRICA HUMANA OCASIONADOS POR LOS INSECTICIDAS ORGANOFOSFORADOS GUSATIÓN, FOLIDOL Y FOLIMAT ACTIVADOS POR LA FRACCIÓN S10 DE <i>Vicia faba</i>	91
CNG2012 057	Jiménez Ortega RF, Martínez González KK, Vaca S, Vázquez Cy Negrete Abascal E	PRESENCIA DE UN GEN <i>luxS</i> EN EL GENOMA DE <i>Gallibacterium anatis</i>	101
CNG2012 058	Sobrino-Figueroa A.S.	EVALUACIÓN DE LA PRESENCIA DE COMPUESTOS GENOTÓXICOS EN SISTEMAS ACUÁTICOS UTILIZANDO EL ENSAYO COMETA	102
CNG2012 060	Sobrino-Figueroa AS y Cáceres-Martínez C	INTEGRIDAD DEL ADN EN LA ALMEJA <i>Argopecten ventricosus</i> COMO BIOMARCADOR DE CONDICIONES AMBIENTALES	104
CNG2012 062	Trujillo VY, Ramos-Morales P, Villagrán SM, Espinosa AJJ y Macías C	EVALUACIÓN DEL DESEMPEÑO REPRODUCTOR DE <i>Drosophila melanogaster</i> EN RELACIÓN CON EL DAÑO GENÉTICO	106
CNG2012 063	García-Huerta E, Palacios-López CS, Silva-Calzada J, Dueñas-García IE, Santos-Cruz LF y Heres-Pulido ME	AVANCES EN LA EVALUACIÓN DEL EFECTO DEL RESVERATROL EN CO-TRATAMIENTO CON MMS, URE Y 4-NQO EN SMART EN ALA DE <i>Drosophila melanogaster</i> (CE)	107
CNG2012 064	Martínez-Castillo MA, Piedra-Ibarra E, Durán-Díaz A, Dueñas-García IE, Heres-Pulido ME y Santos-Cruz LF	EFFECTO DEL H2O2 EN LA SOBREVIVENCIA Y LOS PARÁMETROS REPRODUCTIVOS: FECUNDIDAD TOTAL, DESEMPEÑO REPRODUCTIVO Y PORCENTAJE DE FERTILIDAD EN LAS LÍNEAS FLARE3 Y OREGON-FLARE3 DE <i>Drosophila melanogaster</i>	108
CNG2012 066	Ramírez-Flores MF, Ramos-Morales P y Hernández BBR	EFFECTO DE DMN (N-DIMETILNITROSAMINA) EN LA FECUNDIDAD Y FERTILIDAD DE <i>Drosophila mojavensis</i>	110
CNG2012 069	Rodríguez-Elias AK, López-Trinidad BP, Gómez KK y Aguilar Santamaría MA	PRUEBAS DE BIOCOMPATIBILIDAD <i>IN VITRO</i> DE COLÁGENO TIPO I PROVENIENTE DE TENDÓN DE BOVINO	113
CNG2012 071	Meza-González NM y Ramos-Morales P	EVALUACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD POR URETANO EN CÉLULAS SOMÁTICAS DE <i>Drosophila melanogaster</i>	115
CNG2012 072	Martínez-Pichardo R, Gómez-Arroyo S, Carbajal-López Y, Villalobos-Pietrini R y Chávez Almazán L	RELACIÓN ENTRE LOS BIOMARCADORES DE EFECTO Y EXPOSICIÓN Y LOS SIGNOS Y SÍNTOMAS ASOCIADOS AL CONTACTO CON PLAGUICIDAS EN AGRICULTORES DE UNA COMUNIDAD DE GUERRERO	116

CLAVE	AUTORES	TITULO	PÁGINA
CNG2012 076	González-Lozano CP, Correa-Sandoval F, Solana-Arellano ME y Santacruz-López E	APROXIMACIÓN INTEGRAL PARA DETERMINAR EL ESTATUS TAXONÓMICO DE LAS TORTUGAS PRIETA Y VERDE	119
CNG2012 078	Salgado-Carrillo MV y Ramos-Morales P	EFFECTO DE LA BEBIDA ENERGETIZANTE MFORCE (UNA NOCHE) EN LA FERTILIDAD Y FECUNDIDAD DE <i>Drosophila melanogaster</i>	121
CNG2012 082	Schiavon S, Dávalos de la Cruz KV, Cruz-López AF, Gómez KK y Piña-Barba MC	GENOTOXICIDAD DE COLÁGENA TIPO I EN SOLUCIÓN	124
CNG2012 086	Ramírez-Flores OM, Ramos-Morales P y Hernández BBR	EVALUACIÓN DEL EFECTO DE HIDROXIUREA EN LA FECUNDIDAD Y FERTILIDAD DE <i>Drosophila mojavensis</i>	128
CNG2012 088	Urbina I, Aguilar MA, Arellano E, Barriga-Sosa IDLA, González F y Rogers D	ORTOSELECCIÓN Y MEGAEVOLUCIÓN CARIOTÍPICA EN ESPECIES DEL GÉNERO <i>Reithrodontomys</i>	130
CNG2012 089	Loera-Castañeda V, Bracho-Riquelme RL, Macías-Salas A, Torres-Valenzuela A, Loera-Castañeda GA y Sánchez-Ramírez JP	GENES DE LEPTINA, RECEPTOR DE LEPTINA Y PPARg ASOCIADOS PERITONITIS SECUNDARIA NO APENDICULAR CON Y SIN TRASTORNOS DE LA NUTRICIÓN	131
CNG2012 090	Ramírez-Hernández M y Ramos-Morales P	EFFECTO REPROTÓXICO DE ATRAZINA EN <i>Drosophila melanogaster</i>	132
CNG2012 093	Cortés-Eslava J, Gómez-Arroyo S, Flores-Márquez AR y Villalobos-Pietrini R	MODULACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD INDUCIDA POR EL DICROMATO DE POTASIO MEDIANTE LA CURCUMINA EN <i>Vicia faba</i>	135
CNG2012 095	Puente-Manríquez JL, Moreno-Reséndez A, Carrillo-Amaya S y Samaniego-Gaxiola JA	CARACTERIZACIÓN AGRONÓMICA DE VARIEDADES DE CALABAZA (<i>Cucurbita moschata</i> (Duchesne ex Lam.) EN LA COMARCA LAGUNERA	137
CNG2012 101	González Galavíz JR, Rodríguez Anaya LZ, Molina Garza ZJ, Ibarra Gámez JC y Galavíz Silva L	GENOTIPOS DEL VIRUS DEL SÍNDROME DE LA MANCHA BLANCA AISLADOS DE CAMARÓN BLANCO (<i>Litopenaeus vannamei</i>) EN DIFERENTES CICLOS DE CULTIVOS EN GRANJAS DE SONORA, MÉXICO	143
CNG2012 102	López PA, Gil-Muñoz A, López-Sánchez H, Guerrero-Rodríguez J de D, Flores-Pérez L, Ortiz-Torres E, Taboada-Gaytán OR y Hernández-Guzmán JA	BASE GENÉTICA DE MAÍZ PARA EL ALTIPLANO POBLANO MEDIANTE EL APROVECHAMIENTO DE LA DIVERSIDAD LOCAL	144
CNG2012 105	Castro-García SZ, Fabián-Tzompantzi F, Argüelles-Velázquez N, Chamorro-Cevallos G, Álvarez-González I y Madrigal-Bujaidar E	EFFECTO INHIBITORIO DEL JUGO DE TORONJA SOBRE LA GENOTOXICIDAD MATERNA Y FETAL PRODUCIDA POR EL CADMIO EN RATÓN	147
CNG2012 106	García-Ginez G, Hernández-Ojeda SL, Camacho Carranza R y Espinosa-Aguirre JJ	EFFECTO DE UNA DIETA HIPOPROTÉICA SOBRE LA EXPRESIÓN DEL CYP1A1 HEPÁTICO	148
CNG2012 107	Reyes-Reyes DG, Hernández-Ojeda SL, Camacho-Carranza R y Espinosa-Aguirre JJ	ACTIVIDAD MUTAGÉNICA DEL EXTRACTO METANÓLICO DE <i>Heterotheca inuloides</i> Y DE QT	149

CLAVE	AUTORES	TITULO	PÁGINA
CNG2012 112	Torres-Orozco RE, Díaz Hernández L, Gómez Corvera A, Hernández Barrales M, López Saucedo A y Ayala Luján JL	DETECCIÓN DEL VIRUS DEL PAPILOMA HUMANO EN BIOPSIAS DE TUMORES MAMARIOS	154
CNG2012 115	Del Río-Robles JE, Torres Orozco RE, López Saucedo A, Hernández-Barrales M y Ayala-Luján JL	IDENTIFICACIÓN DEL SNP DEL CODÓN 72 DE TP53 EN UN GRUPO DE MUESTRAS DE CÉRVIX Y SU RELACIÓN CON VPH	157
CNG2012 121	Hauad L, Lamoureux J, Krabchi K, Lu M, Langlois M, Mongrain I, Phillips MS, Ferland M, Demers A, Rougemont A-L, Sartelet H y Drouin R	DIAGNÓSTICO PRENATAL DE UNA DELECIÓN DE NOVO 1q42: CARACTERIZACIÓN MOLECULAR Y DETERMINACIÓN DE UN NUEVO SÍNDROME	163
CNG2012 122	Martínez-Valenzuela C, Pellegrini-Loera F, Gómez-Arroyo S, Villalobos-Pietrini R, Waliszewski S, Kumate Rodríguez J, Calvo-González M, Félix-Gastélum R, Romero-Urías C, Ortega-Martínez D, Lagarda-Escarrega A y Vázquez Ramírez R	DETECCIÓN DEL DAÑO AL ADN A TRAVÉS DEL BIOMARCADOR ELECTROFORESIS UNICELULAR ALCALINA EN MADRES Y NIÑOS RECIÉN NACIDOS HABITANTES DE DOS ZONAS AGRÍCOLAS DEL NORTE DEL ESTADO DE SINALOA	164
CNG2012 123	Ramos-Ibarra ML, Monge Miranda H, Juárez RomeroR, Saucedo Ortiz JA, López Pérez SR, CastilleroManzano MS, Zavala-Aguirre JL, Torres-Bugarín O y Enciso López ES	VALORACIÓN GENOTÓXICA, CITOTÓXICA Y POTENCIAL TERATOGÉNICO DE TOXINA BOTULÍNICA (DYSPORE): ESTUDIO COMPARATIVO EN SANGRE PERIFÉRICA DE RATÓN Y RATAS RECIÉN NACIDAS	165
CNG2012 124	Toledo-Aguilar R, López-Sánchez H, López PA, Aguilar-Rincón VH, Vaquera-Huerta H, Santacruz-Varela A y González-Hernández VA	DIVERSIDAD MORFOLÓGICA DE VARIEDADES NATIVAS DE CHILES "ANCHOS" DE MÉXICO	166
CNG2012 126	Carmona-Hernández O, Lozada-García JA y Fernández MS	EVALUACIÓN GENOTÓXICA DE EXTRACTOS ALCOHÓLICOS DE <i>Piper aduncum</i> L. SOBRE <i>Drosophila melanogaster</i>	168
CNG2012 127	Domínguez Monroy V y Serment Guerrero J	PARTICIPACIÓN DE LA ENDONUCLEASA Xth EN LA ACTIVACIÓN DE LAS FUNCIONES SOS DE <i>Escherichia coli</i>	169
CNG2012 128	Acevedo Carrillo EG, Cruz Ortega E, Mares Esparza AJ, Medina Castro G, y Macias Flores MA	SEIS CASOS DE AGENESIA RADIAL BILATERAL	170
CNG2012 132	De la O-Olán M, Ayala-Garay A, López-Sánchez H y Santacruz-Varela A	USOS Y COSTUMBRES DEL MAÍZ CRIOLLO DE LA RAZA PALOMELO TOLUQUEÑO	174
CNG2012 134	Pérez-Lara AP, Sánchez-Alarcón J, Tenorio-Colín G, Deng Y y Valencia-Quintana R	EVALUACIÓN DEL DAÑO GENOTÓXICO INDUCIDO POR AFLATOXINA B ₁ EN CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE LA RAÍZ DE <i>Vicia faba</i>	176

Carteles Sesión II
Jueves 4 de octubre de 2012
Foyer planta alta Carnavales

CLAVE	AUTORES	TITULO	PÁGINA
CNG2012 003	Rivero-Manzanilla JG, Ruenes Morales MR, Ferrer Ortega MM	CITOGENÉTICA DE <i>Spondias purpurea</i> L. (ANACARDIACEAE) CIRUELA MEXICANA CULTIVADA EN YUCATÁN	47
CNG2012 005	Campos-García V, Saucedo-Cárdenas O y Montiel-Condado D	IDENTIFICACIÓN DE LA MUTACIÓN MÁS FRECUENTE DEL GEN <i>PARK8</i> EN PACIENTES CON ENFERMEDAD DE PARKINSON EN EL ESTADO DE NUEVO LEÓN, MÉXICO	49
CNG2012 011	Salcido-Gómez B, Olivares-Delgado KA, Ríos-Tostado JJ, Monroy-Arellano LM, Rivas-Llamas R, Sánchez-Leyva MG, Rodríguez-Quiroz D y Velarde-Félix JS	FRECUENCIA DE LA MUTACIÓN V617F DEL GEN <i>JAK2</i> EN PACIENTES CON DESORDENES MIELOPROLIFERATIVOS CRÓNICOS	55
CNG2012 012	Aco MA, Rodríguez LM, Carreño R, Bustillos R, Contreras JL, Villegas MC, Chaintreuil C, Dreyfus B, Le Queré A, y Munive JA	BÚSQUEDA DE MICRO RNA'S INVOLUCRADOS EN LA SIMBIOSIS EFECTIVA ENTRE <i>Rhizobium leguminosarum</i> Y <i>Phaseolus vulgaris</i>	56
CNG2012 014	Estrada-Aguirre JA, Prado-Montes de Oca E, Osuna-Ramírez I, Zamora-Gómez R, Nájjar-Reyes GM, Villarreal-Escamilla PC y Velarde-Félix JS	ASOCIACIÓN DEL ALELO -52G DEL GEN DE LA b-DEFENSINA 1 HUMANA (<i>DEFB1</i>) CON VIH/SIDA EN MUJERES SINALOENSES	58
CNG2012 015	Vera-Ramírez N, Martínez-Martínez A y Bojórquez-Rangel G	VARIABILIDAD GENÉTICA DE LA LAGARTIJA DE COSTADO MANCHADO <i>Uta stansburiana</i> EN EL NOROESTE DE MÉXICO MEDIANTE EL ANÁLISIS DE ADN MITOCONDRIAL	59
CNG2012 016	Rubio-Miranda JA, Sierra-Martínez P y Navez-González D	BÚSQUEDA DE <i>Brucella spp.</i> EN PRODUCTOS LÁCTEOS ARTESANALES EN CHILPANCINGO, GUERRERO	60
CNG2012 020	Martínez-García N, López-Satillán I, Montejano-Rodríguez R, Almaguer-Vargas G, Zúñiga-Pérez C y Hernández-Ceruelos A	ANTIGENOTOXICIDAD DE LA DECOCCIÓN DE LA RAÍZ DE <i>Jatropha dioica</i> EVALUADA MEDIANTE EL ENSAYO COMETA	64
CNG2012 021	Pérez Parada C J, Herrera Estrella A, Nava Galicia SB y Bibbins Martínez M	PERFIL DE EXPRESIÓN DE GENES DE ISOFORMAS DE LACASA DE <i>Pleurotus ostreatus</i> EN PRESENCIA DE COLORANTE AZUL REMAZOL Y AMARILLO AZO	65
CNG2012 023	Cahua-Pablo G, Antúnez-Ortiz DL, Del Moral-Hernández O, Leyva-Vázquez MA, Parra-Rojas I y Flores-Alfaro E	LA ISOFORMA ApoE4 SE RELACIONA CON MAYOR RIESGO ATEROGÉNICO EN MUJERES GUERRERENSES	67
CNG2012 028	Cortés-Barberena E, González-Márquez H y Ortiz-Muñiz R	EFFECTO DE LA DESNUTRICIÓN MODERADA Y GRAVE EN LA PROLIFERACIÓN DE CÉLULAS DE BAZO	72

CLAVE	AUTORES	TITULO	PÁGINA
CNG2012 031	Vizcaíno-Ríos E, Calderón-Segura ME y Gómez-Arroyo S	ANÁLISIS DE DAÑO AL ADN DE LINFOCITOS HUMANOS EXPUESTOS <i>IN VITRO</i> AL INSECTICIDA OBERON MEDIANTE EL ENSAYO COMETA ALCALINO	75
CNG2012 033	Eslava-Avilés E C, Calderón-Segura ME y Gómez-Arroyo S	EFFECTOS GENOTÓXICO E INMUNOTÓXICO <i>IN VITRO</i> DE LOS PLAGUICIDAS SCALA Y ENVIDOR EN LINFOCITOS DE SANGRE PERIFÉRICA	77
CNG2012 045	Beristain-Castillo E, Hernández-Ojeda SL, Camacho-Carranza R y Espinosa-Aguirre JJ	IDENTIFICACIÓN DE ENZIMAS INVOLUCRADAS EN LA BIOACTIVACIÓN DE LA NICLOSAMIDA	89
CNG2012 046	Tovar-Pacheco C, Calderón-Segura ME, García-Martínez R y Gómez-Arroyo S	BIOMONITOREO GENOTÓXICO EN AJOLOTES DE LA RANA <i>Lithobates montezumae</i> EN EL RÍO TULA, ESTADO DE HIDALGO, MÉXICO	90
CNG2012 049	Cristino-García AR y Ramos-Morales P	DETERMINACIÓN DE LA DURACIÓN DEL CICLO DE VIDA DE <i>Megaselia scalaris</i> (PHORIDAE: DÍPTERA)	93
CNG2012 052	Cahua-Pablo JA, Uriostegui-Basilio AK, Méndez-Palacios A, Alarcón-Romero LC, Vences-Velázquez A, Leyva-Vázquez MA y Flores-Alfaro E	FACTORES DE RIESGO DE ENFERMEDAD CARDIOVASCULAR SE MODIFICAN POR SNPs EN EL GEN <i>ESR1</i>	96
CNG2012 053	Urbina SI, De Luna-Meza LF, Figueroa LG, Paniagua CCG, Fierro PRC y Barriga-Sosa IDLA	DESCRIPCIÓN DEL CARIOTIPO DE <i>Chirostoma humboldtianum</i> (Valenciennes) Atheriniformes: Atherinopsidae	97
CNG2012 054	Tena-Flores JA, González-Elizondo MS, Herrera-Arrieta Y, Almaraz-Abarca N, Mayek-Pérez N, Da Silva CRM y Vanzela ALL	KARYOTYPE CHARACTERIZATION OF EIGHT MEXICAN SPECIES OF <i>Eleocharis</i> (CYPERACEAE)	98
CNG2012 055	González-Islas JC, Bolaños-Rodríguez E y Ramírez-Ortega PA	PITTING GROWTH MODEL IN BURIED PIPELINES USING GENETIC ALGORITHMS	99
CNG2012 056	Castillo-González AR, Burrola-Barraza E, Domínguez-Viveros J y González-Rodríguez E	ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE LA POBLACIÓN BACTERIANA EN EL RUMEN DE VACAS LECHERAS SUPLEMENTADAS CON MONENSINA Y/O SEBO	100
CNG2012 059	Sobrino-Figueroa AS y Cáceres-Martínez C	EVALUACIÓN DEL EFECTO TÓXICO Y GENOTÓXICO DE SEDIMENTOS DE LA ENSENADA DE LA PAZ, B.C.S., MÉXICO	103
CNG2012 061	Sobrino-Figueroa AS y Cáceres-Martínez C	EFFECTO GENOTÓXICO DEL CADMIO, CROMO, PLOMO Y SU MEZCLA EN JUVENILES DE LA ALMEJA CATARINA <i>Argopecten ventricosus</i> (SOWERBY, 1842)	105
CNG2012 065	Flores-Márquez AR, Miguel-Pérez G, Maya-Miranda G, Amador-Muñoz O, Villalobos-Pietrini R, Eguía-Aguilar P, PérezPeña-DíazConti M, Pérez-Guzmán VA y Arenas-Huertero F	EFFECTOS CITOTÓXICOS Y GENOTÓXICOS EN CÉLULAS BRONQUIALES HUMANAS EXPUESTAS A LA MATERIA ORGÁNICA EXTRAÍDA DE LAS PM2.5 DE 3 ESTACIONES DE MONITOREO ATMOSFÉRICO DE LA CIUDAD DE MÉXICO	109
CNG2012 067	Escutia-Guadarrama L, Dávalos de la Cruz KV, Figueroa Vargas IA y Aguilar Santamaría MA	ESTUDIO DE CITOTOXICIDAD <i>IN VITRO</i> DE LA ALEACIÓN AMORFA Ni60Nb20Zr20	111

CLAVE	AUTORES	TÍTULO	PÁGINA
CNG2012 070	López-Trinidad BP, Rodríguez-Eliás AK, González-Hernández I y Aguilar Santamaría MA	DETERMINACIÓN DE LA CITOTOXICIDAD DE MEZCLAS POLIMÉRICAS CON POSIBLES APLICACIONES BIOMÉDICAS	114
CNG2012 073	Arroyo JE y Ramos-Morales P	AZIDA DE SODIO MODIFICA LA FRECUENCIA DE RECOMBINACIÓN EN EL CROMOSOMA X EN CÉLULAS GERMINALES DE <i>Drosophila melanogaster</i>	117
CNG2012 075	Rodríguez-Romero MI, Calderón-Segura ME y Gómez-Arroyo S	EVALUACIÓN DE LOS NIVELES DEL ADUCTO 8-OHdG Y FRAGMENTACIÓN DEL ADN EN LINFOCITOS PERIFÉRICOS HUMANOS EXPUESTOS <i>IN VITRO</i> A HIDROCARBUROS AROMÁTICOS POLICÍCLICOS	118
CNG2012 077	González-Lozano CP, Jullian-Montañez AG y Martínez-Gallardo R	EVALUACIÓN DE LOS ESTUDIOS GENÉTICOS REALIZADOS SOBRE QUIROPTEROFAUNA MEXICANA	120
CNG2012 083	Schiavon S, Dávalos de la Cruz KV, Cruz-López, AF, González-Hernández I y Piña-Barba MC	EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE MEMBRANAS A BASE DE MEZCLAS DE COLÁGENA CON E-CAPROLACTONA Y POLIVINILPIRROLIDONA	125
CNG2012 087	Urbina-Sánchez I, Aguilar-Santamaría MA, Arellano-Arenas E, Barriga-Sosa IDLA, González-Cózatl F y Rogers D	ANÁLISIS FENÉTICO Y CLADÍSTICO DE CARACTERES CROMOSÓMICOS DE ESPECIES DEL GÉNERO <i>Reithrodontomys</i>	129
CNG2012 092	Padilla López MA, Mejía Barrera MA, Castañeda Sortibrán AN, León Rangel L, Jasso Martínez JM, Reyes Martínez I y Rodríguez Arnaiz R	VIDEOS COMO MATERIAL DE APOYO EN EL LABORATORIO DE GENÉTICA	134
CNG2012 094	Gómez-Arroyo S, Cortés-Eslava J, Villalobos-Pietrini R, Marroquín-Pérez AL y Rivera-Rivera GL	GENOTOXICIDAD INDUCIDA POR EL INSECTICIDA METIL PARATIÓN EN <i>Vicia faba</i>	136
CNG2012 096	Alvarez-Moya C	ACTIVIDAD GENOTÓXICA DEL GLIFOSATO EN NÚCLEOS DE <i>Tradescantia</i>	138
CNG2012 097	García-Pacheco MA, Gómez-López SP, Durán-Díaz A, Santos-Cruz LF, Heres-Pulido ME y Dueñas-García IE	EVALUACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD DEL RESVERATROL EN SMART EN ALA DE <i>Drosophila melanogaster</i>	139
CNG2012 098	Rodríguez-Gaytán MA, Medina-Urrutia VM y Torres-Morán MI	VARIABILIDAD GENÉTICA DETECTADA A NIVEL MOLECULAR EN UNA POBLACIÓN DE MAMEY SAPOTE	140
CNG2012 100	Rivera-León EA, Palmeros-Sánchez B, Llamas-Covarrubias IM, Fernández MS y Sánchez-Enríquez S	ASOCIACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS TAQI Y APAI DEL GEN VDR SOBRE LAS CONCENTRACIONES SÉRICAS Y ACCIONES METABÓLICAS DE LA OSTEOCALCINA EN PACIENTES CON DIABETES MELLITUS TIPO 2	142
CNG2012 104	Rodríguez-Ponce AK, Ron-Parra J y Torres-Morán MI	DETERMINACIÓN MOLECULAR DE LA FIDELIDAD GENÉTICA EN DOS LÍNEAS DE MAÍZ DESPUÉS DE CICLOS DE AUTOFECONDACIÓN	146
CNG2012 108	Hernández-Guadarrama BE, Espinosa-Aguirre JJ, Hernández-Ojeda SL y Camacho-Carranza R	CARACTERIZACIÓN Y ACTIVIDAD RECOMBINOGÉNICA DE MUTÁGENOS EN LAS CEPAS <i>yafE</i> y <i>fliK</i> de <i>Salmonella typhimurium</i> LT2	150

CLAVE	AUTORES	TITULO	PÁGINA
CNG2012 109	Rodeiro-Guerra I, Hernández-Ojeda SL, Olguin-Reyes S, García-Ginez G, Cruz-Eguia-Lis A y Espinosa-Aguirre JJ	EFFECTOS DEL EXTRACTO HIDROALCOHÓLICO OBTENIDO DE <i>Thalassia sp.</i> SOBRE EL SISTEMA DE ENZIMAS DEL P450 EN RATAS WISTAR	151
CNG2012 110	Martínez Ledezma KI y Ramos-Morales P	EFFECTO DE LA AZIDA DE SODIO EN EL DESARROLLO Y CONDUCTA DE <i>Drosophila melanogaster</i>	152
CNG2012 113	Díaz Hernández L, Hernández Barrales M, Presno Bernal M, Gómez Corvera A, López Saucedo A y Ayala Luján JL	IDENTIFICACIÓN DE MAMOGLOBINA COMO MARCADOR MOLECULAR ALTERNATIVO EN BIOPSIAS DE MAMA Y SU RELACIÓN CON EL ESTADIO DE LA ENFERMEDAD	155
CNG2012 116	López-Romero L, Fabián-Tzompantzi F, Castro-García SZ, Martínez-Solís E, Álvarez-González I y Madrigal-Bujaidar E	EVALUACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD SUBCRÓNICA DE LADULOXETINA <i>IN VIVO</i>	158
CNG2012 117	González-Estrella AV y Ramos-Morales P	IMPACTO DE LA VARIACIÓN AMBIENTAL EN LA DISTANCIA ENTRE GENES LIGADOS DE <i>Drosophila melanogaster</i>	159
CNG2012 118	Celis Porras J	MODELO NEURONAL DE DIAGNÓSTICO DE CÁNCER EN SENO BASADO EN PERFILES DE EXPRESIÓN GENÉTICA	160
CNG2012 125	Murillo Jimenez EY, Maldonado Perez FB, Aguayo Ventura M, Cid Rosales JG y Macías Flores MA	DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL EN CINCO CASOS DE MUCOPOLISACARIDOSIS	167
CNG2012 129	Gómez Guerrero E y Serment Guerrero J	CITOTOXICIDAD Y GENOTOXICIDAD DE LAS CASIOPEÍNAS Cas I-Gly, Cas VIII-Gly Y Cas III-Ma EN CÉLULAS HeLa	171
CNG2012 131	Zúñiga-Panduro MJ, Campos-Ramos R, Casillas-Hernández R y Garza-Torres R	ALTERACIONES EMBRIONARIAS DURANTE LA PRODUCCIÓN DE TETRAPLOIDES POR SHOCK FRÍO EN CAMARÓN BLANCO DEL PACIFICO <i>Litopenaeus vannamei</i>	173
CNG2012 135	Rojas-Pérez I, Sánchez-Alarcón J, Pérez-Lara AP y Valencia-Quintana R	EVALUACIÓN DEL DAÑO GENOTÓXICO EN ADOLESCENTES CAUSADO POR LA EXPOSICIÓN A CONTAMINANTES AMBIENTALES	177

Trabajos libres, sesiones simultáneas I

Jueves 4 de octubre de 2012

CLAVE	AUTORES	TÍTULO	PÁGINA
CNG2012 006	Bermúdez-Guzmán MJ, Valadez-Ramírez P, Rincón-Castrejón PC, Guzmán González S y Fraire-Velázquez S	CONSTRUCCIÓN DE UN VECTOR CODIFICANTE PARA HORQUILLA DE RNA CON EL GEN DE LA CÁPSIDE DE <i>Papaya ringspot potyvirus</i> -P	50
CNG2012 008	García-Magallanes N, Aguilar-Medina EM, Ramos Payán R, Luque Ortega F, Romero-Navarro JG y Arámbula Meraz E	EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DEL GEN G6PD EN EL NOROESTE DE MÉXICO	52
CNG2012 037	Gutiérrez-Chávez AS, Morales-Gómez MC, Fernández-López J, Muñoz-Moreno ML y Díaz-Badillo Á	INVESTIGACIONES SOBRE LA PRESENCIA DE TRANSGENES EN LA CIUDAD DE MÉXICO: EL CASO MAÍZ (<i>Zea mays</i> L.)	81
CNG2012 038	Solís-Paredes M, Eguía-Aguilar P, Chico-Ponce de León F, Sadowinski-Pine S, Perezpeña-Diazconti M y Arenas-Huertero F	REGULACIÓN EPIGENÉTICA DE GENES APOPTÓICOS EN LÍNEAS CELULARES DE ASTROCITOMA HUMANO	82
CNG2012 042	Galarce-Sosa C, Flores-Álvaro E, Rojas-García AE, Huerta-Beristain G, Cruz-López MC y Moreno-Godínez ME	EFFECTO DE LOS POLIMORFISMOS L55M y Q192R DEL GEN PON1 SOBRE LA ACTIVIDAD PARAOXONASA 1 Y LOS LÍPIDOS SÉRICOS	86
CNG2012 044	Galván-Hernández DM, Lozada-García JA y Flores-Estévez N	FLUJO GENÉTICO INTRAPOBLACIONAL DE <i>Platanus mexicana</i> MORIC. EN EL RÍO COLIPA, VERACRUZ	88
CNG2012 048	Bolaño-Martínez N, Díaz Jaimes P y Uribe-Alcocer M	ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL Y FILOGEOGRAFÍA DEL TIBURÓN MARTILLO <i>Sphyrna zygaena</i> EN EL OCÉANO PACÍFICO ORIENTAL	92
CNG2012 050	García-Rodríguez MC, Montaña-Rodríguez AR y Altamirano-Lozano MA	EFFECTO DE LA RUTA DE ADMINISTRACIÓN DEL CROMO (VI) EN ESTUDIOS A CORTO Y LARGO PLAZO SOBRE LA ENOTOXICIDAD EMPLEANDO EL ENSAYO DE MICRONÚCLEOS EN SANGRE PERIFÉRICA DE RATÓN	94
CNG2012 079	Hurtado-Brito P, Salinas-Alcántara L, Talavera-Mendoza O, Díaz-Villaseñor E, Ramírez-Guzmán A, Carbajal-López Y, Gómez-Arroyo S y Calderón-Segura ME	BIOMONITOREO GENOTÓXICO EN LAS POBLACIONES INFANTILES DE LAS COMUNIDADES DE SANTA ROSA Y DOLORES EN TAXCO DE ALARCÓN, GUERRERO	122
CNG2012 080	Toledo-García II, Servin-Garcidueñas L, Ormeño-Orrillo E, Rosas-Ramírez F, Cruz-Gómez J, Islas-Samperio J y Martínez-Romero E	<i>Jatropha curcas</i> (L) MEXICANAS E INTRODUCIDAS Y SU CARACTERIZACIÓN CON MARCADORES MOLECULARES ESPECÍFICOS	123
CNG2012 099	Contreras Huerta S, Méndez Pérez A y Cuatoche Jaen ZV	EL PAPEL DEL POLIMORFISMO DE CCL-18 EN LA EXPRESIÓN DE Th2 Y GENERACIÓN DE ANTICUERPOS EN DENGUE	141
CNG2012 111	Gómez Ibarra S, Armas-López L, Peralta-Álvarez C, Ortiz-Quintero B, Urrea-Ramírez F J, Piña-Sánchez P y Ávila-Moreno F	ANÁLISIS DEL CÓDIGO H3K27me3 Vs H3K27Ac EN SECUENCIAS PROMOTORAS DE LA REGIÓN 7P21.1 EN PACIENTES CON CÁNCER PULMONAR	153
CNG2012 114	Rodríguez Juárez CJ, Diaz Hernández L, Torres Orozco RE, Gómez Corvera A, López-Saucedo A, Ayala-Luján JL y Hernández-Barrales M	DETECCIÓN DE MUTACIONES DE K-RAS EN BIOPSIAS DE CÁNCER DE MAMA	156

CNG2012 119	Ramos-Morales P, Muñoz-Hernández A, Hernández-Bernal BR, Muñoz-Moya JA y Rivas-Martínez H	EFFECTO GENOTÓXICO, REPROTÓXICO Y TRANSGENERACIONAL DE LA HIDROXIUREA EN <i>Drosophila melanogaster</i>	
CNG2012 120	Mejia-Sánchez F, Rodríguez-Albarrán M, Castillo-Cadena J, Cabrera-Galeana PA y Ramírez-García J	POLIMORFISMOS Y ACTIVIDAD ENZIMÁTICA DE LA GLUTATIÓN S-TRANSFERASA COMO RESPUESTA AL TRATAMIENTO EN MUJERES CON CÁNCER DE MAMA	162
CNG2012 130	Salas Enciso FM, Carrillo Méndez G, Adame Franco AP, Cordova Gonzalez MN, Ortega Monjarras G y Macias Flores MA	MANCHAS CAFÉ CON LECHE Y RELACIÓN CON SÍNDROMES	172
CNG2012 137	Ángeles-Espino, A, Valencia-Botín AJ, Virgen-Calleros G, Ramírez-Serrano C, Paredes-Gutiérrez L y Hurtado-De la Peña S	MICROPROPAGACIÓN DE AGAVE (<i>Agave tequilana</i> Weber. var. Azul) A TRAVÉS DE YEMAS AXILARES	179
CNG2012 138	QuimilabCo.	FISH EN ONCOHEMATOLOGÍA	NP
CNG2012 139	Márquez-Becerra C y Ayala FJ	LA EVOLUCIÓN DE LAS ISLAS CpG DEL GEN Amd EN 20 ESPECIES DE <i>Drosophila</i>	180

Trabajos libres, sesiones simultáneas II Viernes 5 de octubre de 2012

CLAVE	AUTORES	TÍTULO	PÁGINA
CNG2012 001	Aguilar Garduño-RM, Meléndez Balbuena-L, Pérez Benítez-A y González Vergara E.	¿CÓMO INTERPRETAN ALGUNOS CONCEPTOS DE GENÉTICA LOS ESTUDIANTES UNIVERSITARIOS?	45
CNG2012 004	Ríos-Tostado JJ, Velarde-Félix JS, Osuna- Ramírez I, Sánchez-Leyva MG, Salcido-Gómez B y Rendón-Maldonado JG	ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO ARG72PRO DEL GEN <i>TP53</i> CON EL DESARROLLO DE LESIONES CERVICALES EN PACIENTES VPH 16 Y/O 18 POSITIVAS	48
CNG2012 007	Bermúdez-Guzmán MJ, López-Muraira IG, Gómez-Leyva JF y Guzmán González S	DETECCIÓN SEROLÓGICA Y MOLECULAR DEL VIRUS DE LA MANCHA ANULAR DEL PAPAYO (PRSV) EN MALEZA DE <i>Carica papaya</i> EN COLIMA	51
CNG2012 018	Díaz-Viloria N, Sánchez-Velasco L, Perez- Enriquez R y Jiménez-Rosenberg SPA	IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE LARVAS EN PREFLEXIÓN DE <i>Tototaba macdonaldi</i> , <i>Cynoscion reticulatus</i> Y <i>Micropogonias ectenes</i> EN EL ALTO GOLFO DE CALIFORNIA	62
CNG2012 024	Nevárez-López CA, Hernández-Saavedra NY, López-Martínez J y Valdez-Holguín JE	DIFERENCIAS MORFOGENÉTICAS DE LA MEDUSA BOLA DE CAÑÓN (<i>Stomolophus meleagris</i> , L. AGGASIZ 1860) EN EL GOLFO DE CALIFORNIA	68
CNG2012 025	Gavía-García G, González-Martínez H, Nájera O, Miliar A, Koninsberg-Fainsten M, Luna A, Conde-Pérez Prina C Bonilla-González E y González-Torres MC	DAÑO AL DNA POR ESTRÉS OXIDANTE Y EXPRESIÓN DE GENES CON FUNCIÓN ANTIOXIDANTE EN TIMO DE RATAS DESNUTRIDAS EXPERIMENTALMENTE	69
CNG2012 027	Rodríguez-Mercado JJ, Buendía-Valverde ML, Mateos-Nava RA y Altamirano-Lozano MA	EVALUACIÓN <i>IN VIVO</i> DEL EFECTO GENOTÓXICO INDUCIDO POR ACETATO DE TALIO EN RATÓN CD-1 POR LA PRUEBA DE ABERRACIONES CROMOSÓMICAS	71
CNG2012 029	Antúnez-Ortíz DL, Tello-Flores V, Pineda- Salgado G, Gutierrez-Salazar DC, Alarcón- Romero LC, Moreno-Godínez ME, Mendez- Patrón A, Valladares-Salgado A, Cruz-López M y Flores-Alfaro E	ASOCIACIÓN DE LA ADIPONECTINA Y DE LOS POLIMORFISMOS RS767870 EN EL GEN ADIPOR2 Y RS3821799 EN EL GEN ADIPOQ CON OBESIDAD Y FACTORES ATEROGÉNICOS	73
CNG2012 034	Octavio-Aguilar P, Iglesias-Andreu LG, Mora- Calderón DM y Baldo-Romero MA	ESTRUCTURA GENÉTICA ESPACIAL A ESCALA FINA DE UNA POBLACIÓN DE <i>Zamia furfuracea</i> L.f.	78
CNG2012 036	Patlan-Rodríguez A, Morales-Gómez MC, Fernández-López J, Muñoz-Moreno ML y Díaz- Badillo Á	CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DE 20 COLECTAS DE TEOCINTLE (<i>Zea spp.</i>) EN EL VIVERO DE SAN LUIS TLAXIALTEMALCO, XOCHIMILCO	80

CLAVE	AUTORES	TÍTULO	PÁGINA
CNG2012 039	Calderón-Segura ME, García-Martínez R, Gómez-Arroyo S, Medina-Sánchez JD y Mendoza-Rivera IS	ANÁLISIS DEL DAÑO SOBRE EL ADN EN LINFOCITOS PERIFÉRICOS HUMANOS EXPUESTOS <i>IN VITRO</i> A METALES PESADOS ASOCIADOS A PM10 MEDIANTE EL ENSAYO COMETA	83
CNG2012 043	Zacapala-Gomez AE, Alarcón-Romero LC, Flores-Alfaro E, Fernández-Tilapa G, Leyva- Vazquez MA, Zamudio-López N, Sales-Linares N y Illades-Aguilar B	EFICACIA DE CAPTURA DE HÍBRIDOS 2 COMO MÉTODO DE DETECCIÓN DE VPH- AR	87
CNG2012 051	Garibay-García J, Castillo-Cadena J y Cabrera- Galeana PA	INTERCAMBIO DE CROMÁTIDAS HERMANAS INDUCIDOS POR EL TRATAMIENTO EN PACIENTES CON CÁNCER DE MAMA	95
CNG2012 068	Sánchez-Hernández XE y Díaz-Jaimes P	ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DEL TIBURÓN BLANCO (<i>Carcharodon carcharias</i>) EN EL PACÍFICO NORORIENTAL	112
CNG2012 084	Rivas Jacobo MA, Herrera Corredor CA, Marín Sánchez J y Carballo Carballo A	EVALUACIÓN DE MAÍCES DE DIFERENTES AMBIENTES Y COLOR PARA FORMAR UN PROGRAMA DE MEJORAMIENTO PARA FORRAJE	126
CNG2012 085	García-Arias LM, Díaz-Jaimes P y Uribe Alcocer M	ESTRUCTURA GENÉTICA DEL ATÚN DE ALETA AMARILLA (<i>Thunnus albacares</i>) A TRAVÉS DE MARCADORES MICROSATELITALES EN POBLACIONES DEL OCÉANO ATLÁNTICO Y PACÍFICO	127
CNG2012 091	Sandoval-Laurrabaquio Alvarado N, Morales- Villegas H, Díaz-Jaimes P y Uribe Alcocer M	ANÁLISIS ESPACIAL DE LA VARIACIÓN GENÉTICA DEL ATÚN ALETA AMARILLA (<i>Thunnus albacares</i>) EN EL OCÉANO PACÍFICO MEDIANTE MICROSATÉLITES	133
CNG2012 103	Contreras Huerta S y Méndez Pérez A	DETECCIÓN DE MUTACIONES EN EL GEN DE LA BETA GLOBINA EN PACIENTES DONADORES DE SANGRE	145
CNG2012 133	Morales Ramírez P, Cruz Vallejo V y Vallarino Kelly T	INDUCIBILIDAD DE RADIORESISTENCIA EN CÉLULAS DE RATÓN <i>IN VIVO</i>	175
CNG2012 136	Angeles-Espino A, Valencia-Botín A, Virgen- Calleros G, Ramírez Serrano C, Paredes- Gutiérrez L y Hurtado De la Peña S	DETERMINACIÓN DE LA DOSIS LETAL (DL ₅₀) EN VITROPLÁNTULAS DE <i>Agave tequilana</i> var. Azul CON Co ⁶⁰	178

¿CÓMO INTERPRETAN ALGUNOS CONCEPTOS DE GENÉTICA LOS ESTUDIANTES UNIVERSITARIOS?

Aguilar Garduño RM*, Meléndez Balbuena L, Pérez Benítez A y González Vergara E

Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. Facultad de Ciencias Químicas. Maestría en Educación en Ciencias. Avenida 14 Sur Edificio 103A, Ciudad Universitaria, Puebla, Pue., CP 72570, Tel: 2295500 Ext. 7061, rosa.profundo@gmail.com

El presente trabajo analiza cómo interpretan algunos conceptos básicos de la genética alumnos universitarios de distintas áreas del conocimiento. Estos conceptos son: Gen, DNA, RNA, Herencia, Código Genético y Cromosoma, para ello, se consultaron diez libros de biología celular y molecular para conocer las definiciones que brindan acerca de estos términos, se recaba esta información y se compara con las expresiones de los estudiantes. Por otro lado, se diseñó un cuestionario abierto y se aplicó a 155 alumnos de 11 facultades diferentes, como, Administración, Artes, Arquitectura, Biología, Cultura Física, Computación, Ciencias Químicas, Electrónica, Estomatología, Derecho y Medicina, se integraron dos grupos de estudio, el grupo 1: con estudiantes que no son de Ciencias Naturales, y el grupo 2: con estudiantes del área de ciencias biológicas. Analizamos cualitativamente sus respuestas para conocer cuáles son las interpretaciones que los estudiantes dan a estos conceptos, finalmente se relacionan resultados, por grupo de estudio y con relación a los textos consultados. Las conclusiones demuestran una gran dificultad en la interpretación de estos conceptos, *siendo muy parecida en ambos grupos*, sin embargo, el grupo 2 tiene una mejor comprensión de la estructura química y función biológica pero no siempre de manera correcta, mientras que el grupo 1 ofrece respuestas más cortas, vagas y elementales, utilizan casi todos los términos como sinónimos, no se distinguen los niveles celular y molecular, los ubican en la sangre, posiblemente por influencia de los shows de TV y en ocasiones hacen referencia a características no biológicas, por ejemplo relacionando el concepto "herencia" con bienes materiales. En cuanto a los libros, encontramos variedad de definiciones, pero no de todos los conceptos, dependiendo de la formación de los autores se enfocan en contextos diferentes como la biología molecular, la evolutiva o la química, con una amplia gama de matices. Para definir estos conceptos emplean aún más términos científicos que pueden resultar todavía más confusos para el no conocedor, como mitosis, meiosis, codón, triplete, etc. No es de extrañar que sea de gran dificultad para nuestros alumnos interpretar estos conceptos cuando en los libros especializados encontramos diversos enfoques que expresan su significado.

EVALUACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE LOS GENES *Ago2* Y *Ago3* EN EL DESARROLLO EMBRIONARIO TEMPRANO DE BOVINOS

Torres-García AK¹, Burrola-Barraza E^{1*}, Moreno-Brito V², González Rodríguez E¹ y Sánchez-Ramírez B³

¹Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua. Francisco R. Almada Km.1 33820 Chihuahua, Chihuahua, México. ²Facultad de Medicina. Universidad Autónoma de Chihuahua. ³Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Chihuahua. mburrola1@uach.mx

La activación del genoma embrionario, es esencial para un adecuado proceso embrionario. Este evento involucra una degradación masiva de RNAm's maternos sintetizados y almacenados durante la maduración del ovocito. En bovinos este proceso se da en el paso del estadio de 8 a 16 células. En especies como el ratón, esta degradación está relacionada con la acción de miRNAs, los cuales se unen al UTR'3 de un RNAm materno y promueven su degradación. Los genes *Ago2* y *Ago3* codifican para las proteínas argonautas que forman parte del complejo miRICs, donde se unen a los miRNAs para que estos realicen el proceso de degradación sobre el RNAm blanco. Dada la importancia de estas proteínas en el mecanismo de acción de los miRNAs, el objetivo del estudio fue evaluar su expresión durante la embriogénesis temprana en bovinos. Para lo cual, se recolectaron ovocitos inmaduros, ovocitos madurados *in vitro* y embriones de las diferentes etapas del desarrollo temprano, de los cuales se obtuvo RNA total y se sintetizó cDNA que se utilizó en los ensayos de RT-PCR con oligonucleótidos específicos para amplificar los genes *Ago2* y *Ago3*, como control interno se utilizó el gen de la *histona H2A* y como controles positivo los genes maternos *Mater* y *Dicer*. Los resultados indicaron que los genes *Ago2* y *Ago3* se expresaron en ovocitos inmaduros y maduros, y en embriones de 2 a 4 células; mientras que en embriones de 8 y 16 células, mórula y blastocisto, la expresión fue negativa. Esto sugiere que los genes *Ago2* y *Ago3* se reprimen a partir del estadio embrionario de 8 células, que en el bovino corresponde al momento en el cual ocurre la activación del genoma embrionario. Este patrón de expresión es muy similar a los controles positivos *Mater* y *Dicer*, lo que implica que probablemente los genes *Ago2* y *Ago3* dan lugar a RNAm maternos que tienen que ser degradados durante la activación del genoma embrionario.

CITOGENÉTICA DE *Spondias purpurea* L. (ANACARDIACEAE) CIRUELA MEXICANA CULTIVADA EN YUCATÁN

Rivero-Manzanilla JG*¹, Ruenes Morales MR¹ y Ferrer Ortega MM²

¹Dpto. de Manejo de Recursos Naturales Tropicales, ²Dpto. de Ecología Tropical, Campus de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad Autónoma de Yucatán; juligaby_24@hotmail.com, rruenes@uady.mx, mferrer@uady.mx

Los estudios realizados con especies cultivadas de la familia Anacardiaceae señalan que presentan polimorfismo en la morfología de las estructuras vegetativas (hojas) y/o reproductivas (flores, frutos) y en su número cromosómico, estos cambios se asocian con la poliploidía. *Spondias purpurea* es una especie que presenta una variación morfológica en los frutos, en la fenología y, por ello, se consideró importante analizar el complemento cromosómico de los tipos de ciruelas que los habitantes de Yucatán manejan en sus huertos familiares. Se colectaron cinco tipos de ciruelas, cuatro cultivadas (*Xhahal abal*, *Xhuhi abal*, *Ek abal*, *Tuspana abal*) en los huertos familiares de tres localidades de Yucatán (Hocabá, Dzityá y Noc-ac) y una población silvestre (*Abal ak*) en la selva baja caducifolia (Maní); las raíces se pretrataron con 8-hidroxiquinoleína, se tiñeron con reactivo de Schiff y acetoorceína, para posteriormente realizar un aplastamiento y preparar las laminillas permanentes. Se obtuvieron diferencias en el índice mitótico de 8.73% a 46.23% de células en mitosis. La especie *S. purpurea* presentó un complemento cromosómico de 16, 24 y 32; esto en contraste con lo reportado en la literatura de $2n=32$ para la especie; los números básicos observados para los cinco tipos de *S. purpurea* están dentro del rango reportado para los géneros de la familia Anacardiaceae. Estos resultados indican que la especie presenta una variación intraespecífica, que se asocia con la gran diversidad de fenotipos observables principalmente entre los frutos, por lo tanto, se propone a *S. purpurea* como un complejo poliploide.

ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO ARG72PRO DEL GEN *TP53* CON EL DESARROLLO DE LESIONES CERVICALES EN PACIENTES VPH 16 Y/O 18 POSITIVAS

Ríos-Tostado JJ^{1,2,3}, Velarde-Félix JS^{2,3*}, Osuna-Ramírez I¹, Sánchez-Leyva MG², Salcido-Gómez B² y Rendón-Maldonado JG^{1*}

¹Maestría en Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Universidad Autónoma de Sinaloa. ²Unidad Académica Escuela de Biología, Universidad Autónoma de Sinaloa. ³Centro de Medicina Genómica, Hospital General de Culiacán, Servicios de Salud de Sinaloa. Juan Aldama y Edo. de Nayarit s/n Col. Rosales CP. 80230 Culiacán, Sinaloa México Tel. (667) 7168560 y 65 ext. 196 Email: bio_juanjose@yahoo.com.mx

El cáncer cervicouterino (CCU) es una de las principales causas de muerte por cáncer en mujeres de América Latina incluyendo a México. En el estado de Sinaloa, es un problema de salud de primer orden ya que ocupa los primeros lugares de morbi-mortalidad en mujeres de edad reproductiva. Los genotipos 16 y 18 del virus del papiloma humano (VPH) y el polimorfismo ARG72PRO del gen *TP53* han sido relacionados con el riesgo a desarrollar lesiones cervicales precursoras del CCU, esta asociación ha sido estudiada anteriormente con resultados contradictorios. Por lo cual en este estudio se planteó determinar la asociación del polimorfismo ARG72PRO del gen *TP53* con el desarrollo de lesiones cervicales en pacientes de origen sinaloense VPH-16 y/o 18 positivas. Para demostrar lo anterior en este estudio se incluyeron 74 pacientes VPH-16 y/o 18 positivas con diagnóstico citológico y colposcópico de lesión cervical intraepitelial y otro grupo compuesto por hemodonadores sanos (130 mujeres y 191 hombres) todos de origen sinaloense no emparentados entre sí. El genotipo viral y las frecuencias alélicas y genotípicas del polimorfismo se determinaron mediante PCR y sus modificaciones. Los resultados se analizaron con los estadísticos *DeFinetti* y *STATAintercooled* v11.1. Se procesaron 270 muestras de células cervicales de las cuales 74 (27.4%) fueron positivas para los VPH-16 y/o 18. En cuanto al análisis del polimorfismo, de las 74 pacientes VPH positivas, 1(1.31%) fue homocigota para el alelo prolina (P/P), 34 (46.07%) fueron heterocigotas (P/A) y 39 (52.62%) homocigotas para el alelo arginina (A/A). A los hemodonadores se les tomó sangre periférica para obtener ADN y después de analizar el polimorfismo se observó que, para el genotipo P/P fueron 12(9.23%) y 25 (13.1%), para el genotipo P/A 61 (46.9%) y 71 (37.2%) y para el genotipo A/A 57 (43.87%) y 95 (49.7%) en mujeres y hombres respectivamente. Los resultados evidenciaron que las pacientes con el genotipo A/A mostraron más susceptibilidad a infección por el VPH-16 y al desarrollo de lesiones cervicales de alto grado, así mismo las pacientes con el genotipo P/A fueron más susceptibles a infección por VPH-18 y al desarrollo de lesiones cervicales de bajo grado.

IDENTIFICACIÓN DE LA MUTACIÓN MÁS FRECUENTE DEL GEN *PARK8* EN PACIENTES CON ENFERMEDAD DE PARKINSON EN EL ESTADO DE NUEVO LEÓN, MÉXICO

Campos-García V, Saucedo-Cárdenas O, González-Amézcuca O y Montiel-Condado D*

Laboratorio de Ciencias Genómicas. FCB, UANL. Ave. Pedro de Alba y Manuel L. Barragán s/n. San Nicolás de los Garza 66451 Nuevo León, México. dvorak.montielcn@uanl.edu.mx

La Enfermedad de Parkinson (EP) es el segundo desorden crónico y neurodegenerativo más común a nivel mundial. Algunos de los síntomas de esta enfermedad consisten en: bradicinesia, acinesia, rigidez muscular y temblor. La etiología de la EP se considera muy compleja y se han identificado algunos genes causantes de la enfermedad, como: *PARK1*, *PARK2*, *PARK7*, *PARK6* y *PARK8*. Se ha reportado diversas mutaciones presentes en el gen *PARK8* y, entre todas ellas, destaca el cambio G2019S debido a que se considera la principal causa genética de la enfermedad, ya que desencadena del 2% al 40% de todos los casos de Parkinson. Hoy en día no existe un marcador biológico que nos permita predecir o asegurar si una persona desarrollará o está afectado por la enfermedad. Es por eso que, determinar si existe asociación entre la presencia de la mutación G2019S en el gen *LRRK2* y el desarrollo de la enfermedad de Parkinson en pacientes del estado de Nuevo León, es de suma importancia para poder desarrollar un test genético. Para esto se dispuso de un lote de ADN genómico de pacientes con Parkinson, así como de controles negativos. La extracción de ADN se realizó de la capa de leucocitos. Para determinar la presencia o ausencia de la mutación G2019S, se realizó una amplificación del exón 41 para poder llevar a cabo una digestión específica de la secuencia utilizando la enzima Sfc1. Para confirmar los resultados se analizó la secuencia nucleotídica del exón 41 del gen *PARK8*. Se analizaron 82 muestras de pacientes diagnosticados. Para corroborar la ausencia del cambio de guanina por adenina se tomaron distintos pacientes y se obtuvo la secuencia nucleotídica. En una muestra de 82 pacientes con EP, no logró detectarse asociación entre la presencia de la mutación G2019S del gen *PARK8* y el desarrollo de esta enfermedad en pacientes del estado de Nuevo León, México. Para poder encontrar al menos un paciente habitante del noreste de México con la mutación G2019S, deberán estudiarse al menos 147 pacientes, y esto traería consigo un resultado de 0.68% de asociación genética.

CONSTRUCCIÓN DE UN VECTOR CODIFICANTE PARA HORQUILLA DE RNA CON EL GEN DE LA CÁPSIDE DE *Papaya ringspot potyvirus-P*

Bermúdez-Guzmán MJ*, Valadez-Ramírez P, Rincón-Castrejón PC, Guzmán González S y Fraire-Velázquez S

Laboratorio de Biología Molecular y Cultivo de Tejidos Vegetales, Universidad de Colima, México, Autopista Colima-Manzanillo Km 40. E-mail: bermudez.manuel@inifap.gob.mx

La tecnología del RNA de interferencia desencadena un proceso denominado silenciamiento génico postranscripcional (PTGS) disparado por la presencia de RNA de doble cadena; este mecanismo es responsable de la degradación selectiva homóloga-dependiente del RNA, constituyendo de esta forma un sistema de defensa antiviral en plantas. Para este fin, las construcciones de vectores de silenciamiento génico se han adoptado como una poderosa herramienta para desarrollar plantas transgénicas a través de la expresión de horquillas de RNA derivadas de virus, conteniendo secuencias intrónicas (ihpRNA). El objetivo de este trabajo fue generar una construcción con el gen de la proteína de la cápside (*cp*) del *virus de la mancha anular de la papaya* (PRSV-P) utilizando al vector de silenciamiento génico pHANNIBAL (desarrollado por Waterhouse), el cual contiene el promotor 35S del *virus del mosaico de la coliflor* (CaMV), una secuencia intrónica del gen *pdk* como espaciador, el terminador de la octopina sintetasa (OCS) y un gen de resistencia a ampicilina (*amp*). En este vector se generó un cassette de expresión conteniendo nuestra región de interés; la estrategia para tal propósito consistió en amplificar por PCR un fragmento de 217 pb del gen *cp* de PRSV-P, y clonarlo en pCR 2.1-TOPO. Posteriormente este fragmento se clonó en orientación sentido con el juego de enzimas *kpn* I/ *Xho* I y en orientación antisentido con *Cla* I/ *Xba* I. Se confirmaron las ligaciones y orientación correcta de los insertos en orientación sentido y antisentido por análisis con enzimas de restricción y los resultados mostraron que la construcción está lista para ser subclonada en el vector binario pART27 mediante digestión con *Not* I; posteriormente el análisis en electroforesis en gel de agarosa mostró que se liberaron los insertos correspondientes al cassette de expresión (3.4 Kb) y al vector linealizado (11.6 Kb), con lo cual la construcción queda lista para que finalmente sea utilizada para la transformación genética en plantas de papaya mediada por *Agrobacterium tumefaciens*.

DETECCIÓN SEROLÓGICA Y MOLECULAR DEL VIRUS DE LA MANCHA ANULAR DEL PAPAYO (PRSV) EN MALEZA DE *Carica papaya* EN COLIMA

Bermúdez-Guzmán MJ¹, López-Muraira IG¹, Gómez-Leyva JF^{1*}
y Guzmán González S²

¹Laboratorio de Biología molecular, Instituto Tecnológico de Tlajomulco, Jalisco (ITTJ), México, carretera San Miguel Cuyutlán Km 10. E-mail: jfgleyva@hotmail.com

²Laboratorio de Biología Molecular y Cultivo de Tejidos Vegetales, Universidad de Colima, México, Autopista Colima-Manzanillo Km 40

El virus de la mancha anular del papayo (PRSV) es un *Potyvirus* transmitido por áfidos de manera no persistente, el cual produce en plantas de papayo síntomas de mosaico, clorosis y distorsión en las hojas, lesiones de manchas grasientas en pecíolos y tallos, y manchas características en forma de anillo; además, es responsable de cuantiosas pérdidas en poscosecha (30-40%). Existen especies vegetales que fungen como maleza, algunas de las cuales constituyen hospederos alternos de PRSV, por lo que en esta investigación planteamos la posibilidad de encontrar nuevas especies vegetales que actúan como reservorios naturales de PRSV en distintas plantaciones de papayo en el estado de Colima. Para este propósito se realizaron pruebas serológicas de DAS-ELISA utilizando tejido foliar macerado con síntomas virales, posteriormente las muestras que resultaron positivas se les extrajo RNA y fueron analizadas por RT-PCR con oligonucleótidos universales para *potyvirus*; finalmente, las secuencias fueron clonadas en pGEM-T Easy y secuenciadas. Serológicamente se analizó un total de 52 muestras y se detectó la presencia de PRSV únicamente en las especies de *C. papaya* y *C. pepo* (25%); mientras que por RT-PCR se detectó la presencia de PRSV en las especies de *A. abutilastrum*, *A. cristata* y *S. rostratum*. Estos resultados nos indican falsos negativos mediante DAS-ELISA para la detección de PRSV, debidos probablemente a una baja concentración viral. Los análisis en NCBI con la secuenciación de DNAC muestran una identidad de entre 87-94%, mientras que con la traducción a aminoácidos realizada mediante el programa bioinformático "CLC main workbench" se obtiene una identidad de entre 97-100%, confirmándose de esta forma la presencia de PRSV en todos nuestros aislados. También se detectaron cambios en las secuencias de DNA de 3 muestras, debidos posiblemente a la presencia de mutaciones de inserción y delección. Finalmente, se realizaron arboles filogenéticos mediante el método de distancia UPGMA, con base al DNAC y a los aminoácidos traducidos de nuestros aislados, donde se observa que todos nuestros aislados tienen una relación cercana con aislados de PRSV y ubicándose en las ramas mas externas los 3 aislados con posibles mutaciones.

EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DEL GEN G6PD EN EL NOROESTE DE MÉXICO

García-Magallanes N¹, Aguilar-Medina EM², Ramos Payán R², Luque Ortega F²,
Romero-Navarro JG² y Arámbula Meraz E^{2*}

¹Universidad Politécnica de Sinaloa. Mazatlán, Sinaloa, 82125. ²Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Universidad Autónoma de Sinaloa. Culiacán, Sinaloa 80010.
eliakymarambula@hotmail.com

La deficiencia de G6PD es la enzimopatía más común de todos los defectos enzimáticos y clínicamente significativos no sólo en el campo de la hematología sino también en la genética humana. Se estima que afecta aproximadamente a 350 millones de personas a nivel mundial. Esta deficiencia se hereda de manera recesiva al cromosoma X siendo algunas de sus complicaciones la anemia hemolítica e ictericia neonatal, la cual puede conducir a kernicterus. En estudios epidemiológicos realizados en el centro y sur de México se ha observado una frecuencia de 0.71%, por lo tanto se propuso como objetivo estudiar la región noroeste del país para obtener la frecuencia de la deficiencia, caracterizar las mutaciones e identificar su haplotipo. Para cumplir con nuestro objetivo se analizaron 1493 muestras de varones donadores de sangre provenientes de los estados de Sonora, Baja California Norte y Sur; por medio de tamizaje bioquímico se detectaron los individuos deficientes y por PCR-RFLP's se identificó la mutación causante de la deficiencia y su haplotipo. Se identificaron 7 deficientes observándose una frecuencia de 0.47% para esta región. La variante identificada en todas las muestras es la G6PD A^{-202A/376G} presentando el haplotipo Pvu II/Pst I/1311/Nla III (+/+/-/+), por lo tanto esta mutación tiene un origen único africano. El resultado del análisis molecular de este trabajo así como de estudios anteriores realizados nos muestra que la deficiencia de G6PD es relativamente homogénea a nivel molecular ya que la variante africana G6PD A^{-202A/376G} se encuentra presente en la mayoría de los individuos deficientes.

EFFECTO DE LA DESNUTRICIÓN GRAVE EN LA FRECUENCIA DE RETICULOCITOS MUTANTES MEDIANTE EL ENSAYO *Pig-a*

Pacheco Martínez MM¹, Cortés-Barberena E, Rodríguez-Cruz L y *Ortiz Muñiz R

Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo. Departamento de Ciencias de la Salud. División de Ciencias Biológicas y de la Salud. Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Iztapalapa. México D.F. ¹Beca CONACyT 248814 para estudios de Posgrado arom@xanum.uam.mx

En México, grupos de investigación han abordado el estudio de la desnutrición en diferentes áreas. Se han empleado diversos métodos citogenéticos para su estudio. Los animales de laboratorio son modelos útiles para el análisis de los efectos asociados con desnutrición. Se ha demostrado que la desnutrición induce daño al material genético; sin embargo, es mínima la información acerca de la susceptibilidad de mutación génica asociada a este padecimiento. Por lo que, el estudio de las mutaciones somáticas resulta esencial para analizar la posible inestabilidad génica asociada con la desnutrición. El gen *Pig-a* (fosfatidilinositol glicano clase A) codifica para la subunidad catalítica en la biosíntesis del glicosilfosfatidilinositol (GPI), encargado de posicionar en la superficie celular a diferentes proteínas dependientes de GPI como lo es CD59. *Pig-a* es el único gen que se encuentra en el cromosoma X, por consiguiente una única mutación puede desactivar la función enzimática, por lo que esas células carecerán de proteínas GPI-ancladas a la superficie celular. Para evaluar si la desnutrición grave favorece la susceptibilidad a mutaciones mediante el ensayo *Pig-a*, se usaron ratas macho de cepa Wistar, al día 14 de edad, se formaron los grupos de estudio bien nutridos (BN) y desnutridos de tercer grado (DN) tratados con vehículo (testigo) y tratados con dosis de 10 y 20 mg del mutágeno N-Etil-N-Nitrosourea (ENU)/kg de peso/3 días, la dosis se administró vía oral. Se tomaron muestras de sangre de la vena caudal (cada 7 días) hasta los 65 días de edad. La detección de la frecuencia de mutantes *Pig-a*, se determinó mediante el análisis de reticulocitos con el fenotipo de CD59 negativo (Ret-Mut), el análisis se realizó por citometría de flujo. Los resultados mostraron que las frecuencias de Ret-Mut fueron significativamente mayores con una $p \leq 0.05$, en los grupos DN en comparación con los grupos BN y que los grupos DN tratados con 30 mg presentaron un retraso en la respuesta a la inducción de mutantes en comparación con BN 30 mg. Los resultados apoyan el uso del gen *Pig-a* como centinela para los estudios de mutación somática en ratas desnutridas. Agradecemos a CONACyT el apoyo brindado.

GRUPOS DE LIGAMIENTO EN LA MOSCA MEXICANA DE LA FRUTA *Anastrepha ludens* (Díptera: Tephritidae)

*Ibañez-Palacios J, Meza JS y Zepeda-Cisneros CS

Campaña Nacional Moscas de la Fruta. Programa Moscafrut Convenio SAGARPA-IICA.
Chiapas México. jorgeip11@hotmail.com

La mosca Mexicana de la fruta, *Anastrepha ludens* es la plaga que mayor daño ocasiona a la fruticultura en México. El Programa Moscafrut tiene como objetivo el control de dicha plaga, mediante el uso de la técnica del insecto estéril (TIE) como una herramienta en el manejo integrado de esta plaga. En la planta Moscafrut en Metapa de Domínguez Chiapas, la Subdirección de Sexado Genético cuenta con un "Banco de Germoplasma" de *Anastrepha ludens* el cual consta de una colección de 20 mutaciones con diferentes caracteres como: coloración de ojos, cuerpo y pupa, forma de alas, cuerpo, sedas y pupa, a todas se ha descrito su patrón hereditario mediante la aplicación de esquemas de cruzamientos del Manual de procedimientos de Laboratorio de cría de *A. ludens*. A 11 mutaciones se les ha realizado cruces de ligamiento para su análisis para cada caso. Por otro lado, en el laboratorio se cuenta con dos translocaciones genéticas de diferentes cromosomas que involucran los marcadores pupa negra (*bp*) para un cromosoma y ojos amarillo (*ye*) para el otro. En este estudio tales translocaciones fueron también usadas como herramientas de mapeo. Hasta el momento para *Anastrepha ludens* se han descrito cuatro grupos de ligamiento los cuales proponemos como: Grupo A (pupa negra "*bp*", ojos Iridiscencia morada "*im*", sedas singed "*sn*" y cuerpo rojo "*rb*"), cabe mencionar que este es el único grupo en donde se han realizado estudios citogenéticos en donde se le localiza a la translocación de la línea Tapacchula-7 en el cromosoma II. Grupo B (ojos blancos "*we*" y ojos purpura "*Pe*"). Grupo C (ojos rojos "*Re*"), Grupo D (ojos amarillos "*ye*", ojos violeta "*Ve*" y cuerpo ámbar "*ab*"). El contar con estos marcadores particulares es una valiosa herramienta para estudios genéticos y de comportamiento de cromosomas de esta especie. Mediante este trabajo se ha contribuido al avance en la construcción del mapa de ligamiento de *A. ludens*

FRECUENCIA DE LA MUTACIÓN V617F DEL GEN *JAK2* EN PACIENTES CON DESORDENES MIELOPROLIFERATIVOS CRÓNICOS

Salcido-Gómez B¹, Olivares-Delgado KA², González-Valdez JA³, Monroy-Arellano LM⁴, Rivas-Llamas R⁵, Sánchez-Leyva MG¹, Rodríguez-Quiroz D⁶, Ríos-Tostado JJ^{1,7} y Velarde-Félix JS^{1,7*}

¹Unidad Académica Escuela de Biología, Universidad Autónoma de Sinaloa. ²Unidad Académica Facultad de Medicina, Universidad Autónoma de Nayarit. ³Departamento de Hematología, Hospital Civil de Culiacán. ⁴Servicio de Hematología, Hospital General de Culiacán. ⁵Consejo Estatal de Hemovigilancia, Servicios de Salud de Sinaloa. ⁶Laboratorio de Análisis Clínicos, Hospital General de Culiacán. ⁷Centro de Medicina Genómica, Hospital General de Culiacán, Servicios de Salud de Sinaloa. onnasuki@hotmail.com
jsvelfe@hotmail.com*

Los desordenes mieloproliferativos crónicos (DMPC) son un grupo de neoplasias hematológicas que se caracterizan por la proliferación descontrolada de uno o más precursores medulares de línea mieloide (glóbulos rojos, blancos y plaquetas). Los DMPC pueden presentarse como Policitemia Vera (PV), Trombocitemia Esencial (TE) y Mielofibrosis Idiopática (MI), cuya principal complicación son los eventos tromboticos, seguido de hemorragias, mielofibrosis y leucemia mieloide aguda. Se han descrito diversas mutaciones relacionadas a la proliferación celular, de las cuales la mutación V617F del gen Janus Cinasa 2 (*JAK2*) es la más estudiada y ha sido considerada como un excelente marcador molecular para la identificación de los DMPC, ya que se ha detectado en más del 90% de los pacientes con PV y aproximadamente en el 50% con TE y MI. En nuestro país son escasos los estudios sobre esta mutación. Por lo que nos propusimos conocer la frecuencia de la mutación en pacientes y en donadores de banco de sangre de origen sinaloense, así como también las características clínicas y hematológicas de los individuos positivos a la mutación. Para responder lo anterior se realizó un estudio descriptivo, transversal y comparativo que incluyó 40 pacientes con sospecha de algún DMPC, procedentes de diversos hospitales públicos y privados de Culiacán, Sinaloa que asistieron al Centro de Medicina Genómica del Hospital General de Culiacán para la búsqueda de la mutación V617F del gen *JAK2*, la cual se determinó mediante PCR-ALO. Así mismo, se incluyeron hemodonadores del banco de sangre del mismo hospital como controles. La mutación se detectó en 20/40 pacientes (50%); de estos 13 fueron mujeres (65%) y 7 varones (35%) invariablemente todos los pacientes positivos a la mutación mostraron niveles elevados de hemoglobina, hematocrito, eritrocitos, plaquetas y glóbulos blancos y clínicamente los pacientes positivos a la mutación fueron: 5 para PV y 15 para TE. Preliminarmente se han analizado 42 hemodonantes en búsqueda de la mutación, sin que hasta el momento la hayamos encontrado, hecho que también coincide con lo reportado. La mutación del gen *JAK2* aparentemente podría tener una relación de género ya que se observó principalmente en mujeres.

BÚSQUEDA DE MICRO RNA'S INVOLUCRADOS EN LA SIMBIOSIS EFECTIVA ENTRE *Rhizobium leguminosarum* Y *Phaseolus vulgaris*

Aco MA¹, Rodríguez LM¹, Carreño R¹, Bustillos R¹, Contreras JL², Villegas MC³, Chaintreuil C⁴, Dreyfus B⁴, Le Queré A⁵ y Munive JA^{1*}

¹Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, México; ²Facultad de Arquitectura, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, México; ³Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, México.

⁴Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes, CIRAD-IRD-ENSAM-INRA, Montpellier, Francia; ⁵Laboratoire de Microbiologie et Biologie Moléculaire, Universidad de Rabat, Marruecos. antonio.munive@correo.buap.mx; munive68@yahoo.fr

El género *Phaseolus* está constituido por alrededor de 50 especies, todas originarias de América. Entre estas, *P. lunatus*, *P. vulgaris*, *P. polyanthus*, *P. coccineus* y *P. acitifolius* fueron domesticadas por las culturas prehispánicas, y son ampliamente utilizadas para consumo humano. Como otras leguminosas, el frijol puede establecer relaciones simbióticas con bacterias del suelo fijadoras de nitrógeno pertenecientes al grupo de los rhizobia. Estas bacterias invaden los tejidos de la raíz e inducen la formación de estructuras especializadas conocidas como nódulos, sitio en el cual llevan a cabo el proceso de fijación biológica de nitrógeno. Sin embargo, la tasa de fijación de nitrógeno reportada en los cultivos de frijol es muy variada, encontrándose entre las más bajas en comparación con otros cultivos de leguminosas. Nuestra hipótesis de trabajo consideró la utilización de cepas nativas de rhizobia asociadas a diferentes especies de frijol silvestre (*Phaseolus* spp.) para la búsqueda de cepas con una elevada capacidad de fijación de nitrógeno. Las cepas aisladas fueron identificadas por análisis de secuencias del gen 16SrDNA, y la biodiversidad fue analizada por ARDRA y REP-PCR. Se llevaron a cabo ensayos de infectividad y efectividad en plántulas de *P. vulgaris*. La cepa más efectiva fue utilizada para la construcción de una banca de miRNA's con el fin de conocer las diferencias entre los miRNA's involucrados en una interacción efectiva entre los rhizobia silvestres y *P. vulgaris*, en comparación con aquellos expresados durante la interacción de la bacteria y su planta hospedera original (*Phaseolus* sp). Para ello se inocularon plántulas de *P. vulgaris* y *P. lunatus* con la cepa de *Rhizobium leguminosarum* EMM518, recolectándose material vegetal proveniente de raíz, tallo, hojas y nódulos, para la extracción de los pequeños RNA ($\leq 100\text{nt}$). Los miRNA's fueron ligados e introducidos a un vector de clonación, para su secuenciación. Estos estudios, aunados a los estudios comparativos de los genomas de *Phaseolus* spp., proporcionarán una fuente importante de información que permita el mejoramiento de la tasa de fijación de nitrógeno en las variedades cultivadas de frijol.

DAÑOS GONÁDICOS Y ENDÓCRINOS EN OSTIONES (*C. corteziensis*) CAUSADOS POR HIDROCARBUROS AROMÁTICOS POLICÍCLICOS Y SUS RIESGOS A LA SALUD

Galindo-Reyes JG

Lab. de Toxicología y Contaminación, Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Autónoma de Sinaloa. Paseo Claussen s/n, Mazatlán, Sin. C.P. 8200, Tel. (669) 9828656.
guillermo_galindo_reyes@hotmail.com

Los hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAPs), son contaminantes distribuidos en todos los ecosistemas; muchos de ellos son cancerígenos, disruptores endocrinos y causantes de otras alteraciones en los seres vivos. Estudios previos, reportan HAPs en el Estero de Urías, ubicado a la entrada del Golfo de California. El objetivo de este trabajo fue evaluar los niveles de los HAPs, en el estero, sus efectos en ostiones y sus riesgos en la salud. Se tomaron muestras de agua y sedimentos del Estero de Urías. Los HAPs en las muestras fueron extraídos, y los extractos se analizaron por cromatografía de gases (GC). Para determinar las alteraciones gonádicas, endócrinas y en el crecimiento, los ostiones fueron expuestos 25 días a concentraciones sub-letales de: Fenantreno, Naftaleno, Fluoreno, Pireno y Criseno. Al término de este periodo, se cuantificaron las hormonas, la madurez gonádica y su crecimiento, así como los HAPs acumulados en tejido (pulpa). Las hormonas y los HAPs en tejido se determinaron por cromatografía de líquidos (HPLC) y de gases (GC) respectivamente. Se observó disminución en el peso de la pulpa desde 10.14% hasta 44.5% y decrementos en el peso de la gónada, desde 11.38% hasta 45.16% menos comparadas con el control. También, se presentaron decrementos en la concentración de hormonas; la Progesterona decreció desde 2.09 hasta 15.17 y el Estriol, decreció desde 540.13 hasta 244.66 (μg hormona/g de gónada). Se concluye que la tasa de crecimiento fue significativamente menor en los ostiones expuestos respecto a los controles. Similarmente, la reducción en el peso de la gónada indica que la madurez gonadal disminuyó. El decremento de hormonas indica disrupción endócrina y reducción de la capacidad reproductiva en los ostiones. Como los HAPs acumulados en los ostiones fue considerablemente alta respecto a la concentración en el agua, el consumo de ostiones cultivados y/o extraídos del Estero de Urías representa un riesgo a la salud humana, ya que las concentraciones de experimentación fueron mucho menores que las del agua y sedimentos del estero.

ASOCIACIÓN DEL ALELO -52G DEL GEN DE LA β -DEFENSINA 1 HUMANA (*DEFB1*) CON VIH/SIDA EN MUJERES SINALOENSES

Estrada-Aguirre JA¹, Prado Montes de Oca E², Osuna-Ramírez I¹, Zamora-Gómez R³, Nájjar-Reyes GM³, Villarreal-Escamilla PC⁴ y Velarde-Félix JS*

¹Maestría en Ciencias Biomédicas de la Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS), ²Unidad de Biotecnología Médica y Farmacéutica, CIATEJ, CONACYT, Guadalajara, Jal., CAPASITS

³Culiacán y ⁴Mazatlán, *Unidad Académica Esc. Biología-UAS y Hospital General de Culiacán, Ciudad Universitaria, Culiacán, Sinaloa. tony_puma2000@hotmail.com, jsvelfe@hotmail.com

El Virus de la Inmunodeficiencia Humana es el agente causal del SIDA, problema de salud pública en el mundo. Recientemente se ha evidenciado la participación de factores inmunológicos y genéticos en la susceptibilidad y/o resistencia de infección por VIH. La β -defensina 1 humana (hBD-1), forma parte del sistema inmune innato y por sus propiedades antimicrobianas y quimiotácticas se ha asociado con diversas enfermedades infecciosas. Los polimorfismos -52 A/G, -44 C/G y -20 A/G del gen de la hBD-1, *DEFB1*, se han asociado con la resistencia/susceptibilidad a VIH en poblaciones italianas, brasileñas y colombianas. El objetivo del presente estudio fue conocer la frecuencia de los polimorfismos -52 A/G, -44 C/G y -20 A/G del gen *DEFB1* y determinar su posible asociación genética con el VIH/SIDA. Es un estudio transversal de casos y controles. El grupo control estuvo compuesto por mujeres hemodonantes del Hospital General de Culiacán. Los dos grupos de casos fueron 1) Sexoservidoras registradas en los Servicios Médicos Municipales de Culiacán y Mazatlán y 2) Mujeres atendidas en los CAPASITS de Culiacán y Mazatlán. Todos los genotipos fueron determinados mediante nuevos ensayos de PCR-RFLPs diseñados con el software NEBCutter 2.0. Hasta la fecha se han analizado los SNPs -52 A/G en 174 sexoservidoras y 73 pacientes, cuyas frecuencias genotípicas y alélicas fueron de: 68.4 y 80.8% de heterocigotos AG; 7.47 y 8.21% de homocigotos AA; y alelo G 58.3 y 51.3%, respectivamente. Asimismo, el SNP -44 C/G en 191 sexoservidoras y 84 pacientes, cuyas frecuencias genotípicas y alélicas fueron de: 34.0 y 38.1% de heterocigotos CG; 10.5 y 8.3% de homocigotos GG; y alelo G de 27.5 y 27.3%, respectivamente. Finalmente, el SNP -20 A/G en 164 sexoservidoras y 80 pacientes, cuyas frecuencias genotípicas y alélicas fueron de: 51.8 y 50.6% de heterocigotos AG; y 17.0 y 26.6% de homocigotos AA; alelo G 57.0 y 48.0%, respectivamente. Estos hallazgos sugieren que el SNP -52 A/G podría jugar un papel como factor de riesgo en la infección por VIH/SIDA ($p=0.01$; OR=2.5, 1.147-5.825) con un poder estadístico de $p<0.05$.

VARIABILIDAD GENÉTICA DE LA LAGARTIJA DE COSTADO MANCHADO *Uta stansburiana* EN EL NOROESTE DE MÉXICO MEDIANTE EL ANÁLISIS DE ADN MITOCONDRIAL

Vera-Ramírez N, Martínez-Martínez A y Bojórquez-Rangel G*

Laboratorio de Biología Celular y Genética, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, 32310, Anillo Envoltente Pronaf S/N, Ciudad Juárez, Chihuahua, México Tel: 01 656 6881886, Fax: 01656 6881886. gbojorqu@uacj.mx

La lagartija de costado manchado *Uta stansburiana* se encuentra ampliamente distribuida en el noroeste de México y ha sido objeto de diversos estudios en Estados Unidos de Norteamérica y en la península de Baja California, encaminados a entender su origen, distribución y el papel que las barreras geográficas han jugado en la composición genética actual los cuales - han permitido plantear hipótesis sobre su historia evolutiva, pero existen pocos estudios para las poblaciones de Sonora y Chihuahua. El objetivo de este estudio fue determinar la diversidad genética y las relaciones filogenéticas de esta especie en poblaciones de Chihuahua, Sonora, Baja California Norte y Sur, mediante el análisis de ADN mitocondrial. Se realizaron colectas en 17 localidades de los cuatro estados, obteniendo muestras de tejido de la cola en 39 organismos a partir del cual se aisló ADN, se amplificó y secuenció un fragmento de citocromo b. Con el programa Clustal X se realizaron alineamientos de las secuencias obtenidas y fueron analizadas mediante el DNAspv4.10.9 y Arlequin 2.0 para determinar la diversidad nucleotídica (π), haplotípica (\bar{h}), sitios segregantes θ_w , promedio de diferencias nucleotídicas, número de mutaciones, diferenciación genética (Φ) entre y dentro de las poblaciones mediante un AMOVA. Utilizando el programas PAUP* se construyeron arboles filogenéticos bajo los criterios de Neighbor Joining, Parsimonia y Verosimilitud. Del alineamiento de las secuencias se obtuvo un fragmento de 555 pb de citocromo b, identificando 30 haplotipos y observando valores altos de variabilidad nucleotídica ($\pi = 0.07001$) y haplotípica ($\bar{h} = 0.9663$) para la población total, con un promedio de diferencias nucleotídicas (k) de 38.860. Se identificaron 432 sitios invariables y 123 segregantes, de los que 102 resultaron informativos y 21 son sitios únicos de cambio. La diferenciación genética mostro valores de 0.538, observando mayor variación genética entre las poblaciones dentro de las regiones (0.416). Los árboles filogenéticos mostraron topologías similares agrupando a los haplotipos en clados bien definidos, permitiendo inferir que las barreras geográficas presentes en esta región de México han contribuido a la estructuración genética en las poblaciones de Chihuahua, Sonora y Baja California.

BÚSQUEDA DE *Brucella spp.* EN PRODUCTOS LÁCTEOS ARTESANALES EN CHILPANCINGO, GUERRERO

Rubio-Miranda JA, Sierra-Martínez P y Navez-González D*

Universidad Autónoma de Guerrero, Unidad de Investigación Especializada en Microbiología.
Calle Sin Nombre No. 13, Col. Las Colinas, C.P. 39105, Petaquillas, Guerrero.
dawiyo@yahoo.com

La brucelosis es una antropozoonosis que puede impactar fuertemente en el ámbito económico, además, actualmente representa un delicado problema de salud pública, debido a que el agente bacteriano responsable de la enfermedad puede colonizar fácilmente productos lácteos artesanales (queso y leche bronca) derivados de animales infectados y de esa manera se propaga la infección entre la población humana. El diagnóstico de la infección se realiza por pruebas serológicas como rivanol y fijación del complemento así como por métodos microbiológicos basados en el aislamiento y caracterización de *Brucella spp.* En este estudio para el diagnóstico de *Brucella* se llevó a cabo la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) la cual es una técnica molecular de carácter rápido sensible y eficaz y que a comparación de los métodos serológicos no presenta reacciones cruzadas y no es de largo tiempo como los métodos microbiológicos. El diagnóstico se basó en la amplificación del gen 16S rRNA, que es una región conservada y específica del género *Brucella*. Se analizaron un total de 100 muestras: 50 de leche y 50 de queso, las cuales eran provenientes de Iguala, Zumpango, Petaquillas y Tixtla que se expendían en los mercados de Chilpancingo, Guerrero. Las muestras fueron sometidas a extracción de DNA a partir de la muestra directa y posteriormente a PCR, no se encontró evidencia de la presencia de *Brucella*. Se logró estandarizar las condiciones óptimas de PCR para la amplificación del gen 16S rRNA a partir de un cultivo puro de *Brucella*. Así como las condiciones óptimas de amplificación del mismo gen pero en muestras de leche y queso infectados con un cultivo puro de *Brucella* y la determinación del umbral mínimo de detección de DNA de *Brucella* en una muestra de leche.

DAÑO GENOTÓXICO EN CÉLULAS EPITELIALES INDUCIDO POR FLUORUROS EN AGUA DE CONSUMO HUMANO EN ESTUDIANTES DE TULA DE ALLENDE, HIDALGO

Vázquez-Alvarado P¹, Ortiz Espinosa R², Muñoz-Juárez S² y Hernández-Ceruelos A^{2*}

¹Área Académica de Odontología, ²Área Académica de Medicina, Instituto de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Ex hacienda la Concepción s/n Camino a Tilcuautla, San Agustín Tlaxiaca, Hgo. C.P. 42160 alejandra.ceruelos@gmail.com

Los compuestos de flúor están presentes en la superficie de la tierra, en agua y en volcanes, también como productos antropogénicos de las industrias petroquímica y cementera. El fluoruro (F^-) en pequeñas cantidades ayuda en la formación de huesos y esmalte, asimismo, en la prevención de caries dental. De acuerdo a la NMX-AA-077-SCFI-2001 (1.5 mg/L de F^-) concentraciones por arriba representan un riesgo para la salud debido a los efectos tóxicos en el riñón, hígado y cerebro, así como causa de fluorosis dental y/o esquelética según la OMS. El propósito de este estudio fue comparar el daño genotóxico en células del epitelio oral mediante el ensayo cometa. La comunidad de San Miguel Vindhó (SMV) con concentración de F^- por arriba de la norma en el agua de consumo fue considerada expuesta y La Malinche (LaM) con concentraciones por debajo del límite establecido como población control, ambas con características socioeconómicas y geográficas similares, localizadas en Tula. 113 estudiantes con edades entre 12 a 15 años de edad fueron seleccionados para obtener muestras de células de mucosa oral, 31 para LaM y 52 para SMV, además, se obtuvieron muestras de 30 estudiantes del servicio de la clínica dental del ICSa como grupo control negativo y positivo antes y después de la aplicación profesional de NaF (2%). Se analizaron 200 células por escolar para medir momento y longitud de la cola, aplicando la prueba estadística t de Student (IC de 95% y $P < 0.05$). Se realizó una clasificación visual para establecer grados de daño y se calculó el índice de daño analizado con la prueba no paramétrica de Wilcoxon (IC de 95% y $P < 0.05$). Los resultados mostraron un bajo daño genotóxico basal en el testigo negativo y en la población no expuesta (LaM). El daño genotóxico inducido por el NaF (2%) en una exposición aguda quedó demostrado con el incremento en las rupturas del DNA. En la población expuesta (SMV) se obtuvo un comportamiento similar al observado en el control positivo, lo cual sugiere que la alta concentración de F^- en el agua de consumo puede causar daño al DNA.

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE LARVAS EN PREFLEXIÓN DE *Tototaba macdonaldi*, *Cynoscion reticulatus* Y *Micropogonias ectenes* EN EL ALTO GOLFO DE CALIFORNIA

Díaz-Viloria N^{1*}, Sánchez-Velasco¹ L, Perez-Enriquez R² y Jiménez-Rosenberg SPA¹

¹Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas-Instituto Politécnico Nacional (CICIMAR), Av. Instituto Politécnico Nacional s/n, Col. Playa Palo de Santa Rita, La Paz, B.C.S. 23096, México. ²Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR), Mar Bermejo 195, Col. Playa Palo de Santa Rita, La Paz, B.C.S. 23096, México. ndiazv@ipn.mx

El alto Golfo de California es un área marina protegida importante con alta diversidad de especies de peces, como los de la familia Sciaenidae. La identificación morfológica de larvas de Sciaenidae en esta región ha sido una tarea muy difícil porque existen muy pocas descripciones morfológicas de esta familia en el Pacífico Nororiental. Ante la carencia de identificación morfológica, implementamos identificación molecular para discriminar larvas de Sciaenidae en estadio de preflexión. Se utilizaron secuencias de la fracción 16S ARNr (489 pb) de ADN mitocondrial para evaluar la variación intra e inter-específica de las especies de Sciaenidae e identificar las larvas. Basándonos en las secuencias de 16S ARNr de peces adultos, se identificaron larvas de *Tototaba macdonaldi* ($n= 4$), *Cynoscion reticulatus* ($n= 11$) y *Micropogonias ectenes* ($n= 3$). Las identificaciones moleculares fueron sustentadas por divergencias genéticas intra-específicas (<1%) e inter-específicas (>2%) y por altos valores de porcentaje de remuestreo después de un análisis Bayesiano de 91%, 76% y 71% para *T. macdonaldi*, *C. reticulatus* y *M. ectenes*, respectivamente. Posteriormente, observaciones morfológicas detalladas permitieron la identificación de pigmentación diagnóstica para las tres especies en estadio de preflexión. Estos resultados ayudarán a las identificaciones futuras de larvas de Sciaenidae en estudios del ictioplancton de esta región, lo cual podría ser aplicado en estrategias de manejo de las especies de Sciaenidae de importancia comercial (*C. reticulatus* y *M. ectenes*) ó bajo protección (*T. macdonaldi*).

HERENCIA MENDELIANA EN MICROSATÉLITES DE *Haliotis corrugata*

Díaz-Viloria N¹, Pérez-Enríquez R*², Cruz-Hernández P² y Aguilar-Osuna D³

¹Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas, Av. Instituto Politécnico Nacional s/n, Col. Playa Palo de Santa Rita, La Paz, B.C.S. 23096, México. ²Laboratorio de Genética Acuícola, Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, Mar Bermejo 195, Col. Playa Palo de Santa Rita, La Paz, B.C.S. 23096, México. ³Sociedad cooperativa de Producción Pesquera "Progreso", S.C. de R.L., Abasolo No. 41, Col. Independencia, Ensenada, B.C. C.P. 23973, México. rperez@cibnor.mx

En México la pesquería de abulón amarillo (*Haliotis corrugata*) se han visto fuertemente afectada por la sobrepesca y otros factores ambientales. En este contexto la repoblación de los bancos silvestres mediante la liberación de larvas ó juveniles producidos en laboratorio, se ha vislumbrado como una alternativa para incrementar la producción. Sin embargo, cualquier programa de repoblamiento debería considerar una estrategia de manejo genético que evite la pérdida de diversidad genética y que permita dar seguimiento del pedigrí de los individuos producidos en laboratorio y liberados posteriormente en los bancos naturales. Uno de los requisitos de los marcadores moleculares tipo microsatélites empleados para la asignación de parentesco en análisis de pedigrí, es su conformación al modelo de herencia Mendeliana. El objetivo del presente estudio fue confirmar si las clases genotípicas de la progenie de familias de hermanos completos de *H. corrugata*, obtenidas con 11 loci microsatélites, se ajustaban a las proporciones esperadas bajo segregación Mendeliana. En el presente estudio se analizaron larvas veliger de *H. corrugata* ($n = 30-60$) de tres familias junto con el tejido de sus padres putativos, con 11 loci microsatélites. En un locus (*Hco16*) no se pudo comprobar segregación Mendeliana por que en las tres familias los padres fueron homocigotos para el mismo alelo, las proporciones genotípicas de ocho loci (*Hco15*, *Hco19*, *Hco22*, *Hco47-2*, *Hco47-3*, *Hco194*, *Hka3* y *Hka56*) se ajustaron a las proporciones Mendelianas esperadas, y dos loci (*Hco47-1* y *Hco97*) mostraron desviaciones significativas ($P < 0.05$). Cuando se asumió la presencia de alelos nulos en estos dos últimos loci los genotipos esperados en la descendencia no mostraron desviaciones significativas de las expectativas Mendelianas. Los resultados en ocho loci demostraron su aplicabilidad en estudios estructura poblacional y se recomiendan el uso de los loci *Hco19*, *Hco22*, *Hco47-2* y *Hka3* en análisis de parentesco subsecuentes por sus polimorfismos de moderados a altos y por que presentaron herencia Mendeliana.

ANTIGENOTOXICIDAD DE LA DECOCCIÓN DE LA RAÍZ DE *Jatropha dioica* EVALUADA MEDIANTE EL ENSAYO COMETA

Martínez-García N¹, López-Satillán I¹, Montejano-Rodríguez R², Almaguer-Vargas G²
Zúñiga-Pérez C¹ y Hernández-Ceruelos A^{1*}

¹Área Académica de Medicina, ²Área Académica de Farmacia, Instituto de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Ex hacienda la Concepción s/n Camino a Tilcuautla, San Agustín Tlaxiaca, Hgo. C.P. 42160 alejandra.ceruelos@gmail.com

La importancia del uso de las plantas medicinales para el tratamiento de diversas alteraciones en la salud se ha incrementado en los últimos años alrededor del mundo. México se caracteriza por su gran riqueza vegetal y en el estado de Hidalgo existen diversas especies utilizadas para este fin, tal es el caso de *Jatropha dioica*, el cual es un arbusto de la familia Euphorbiaceae utilizado de manera tradicional para tratar diferentes enfermedades como el cáncer, periodontitis y alopecia. En este estudio se evaluó el efecto quimioprotector de la decocción de la raíz, en células hepáticas, renales y de médula ósea mediante el ensayo cometa en ratones cepa ICR. Se formaron 6 grupos experimentales por horario, el primero administrado con agua purificada vía oral, el segundo administrado con Ciclofosfamida (CF), un agente alquilante bifuncional, en dosis de 50mg/kg vía intraperitoneal (i.p.), el tercero como control de la decocción de la *J. dioica* a dosis de 21.42ml/kg y el cuarto, quinto y sexto como grupos de tratamiento a los que se les administro CF en dosis de 50mg/kg vía i.p. y tres dosis de la decocción 3.72 ml/kg, dosis baja, 10.71 ml/kg, dosis media y 21.42 ml/kg dosis alta vía oral respectivamente. Los animales tratados fueron sacrificados a las 3, 9, 15 y 21 h posteriores a la administración para obtener las muestras de los órganos mencionados. A las 3 h es evidente un efecto quimioprotector de la decocción al disminuir las rupturas del DNA inducidas por la CF con las tres dosis, alta, media y baja en células hepáticas y de la médula ósea, siendo en estas últimas aún más evidente a las 9 horas de tratamiento. El efecto protector sobre el material genético posiblemente está relacionado con alguna interacción de los componentes de la decocción sobre el metabolismo de la CF o bien la sensibilización de los metabolitos de la decocción para reparar células dañadas por la CF.

PERFIL DE EXPRESIÓN DE GENES DE ISOFORMAS DE LACASA DE *Pleurotus ostreatus* EN PRESENCIA DE COLORANTE AZUL REMAZOL Y AMARILLO AZO

Pérez Parada CJ¹, Herrera Estrella A², Nava Galicia SB¹ y Bibbins Martínez M^{1*}

¹Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada (CIBA-IPN). Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5, Tlaxcala. CP 90700. e-mail: marthadbm1104@yahoo.com.mx. ²Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (LANGEBIO- CINVESTAV). Km 9.6 Libramiento Norte Carretera Irapuato-León. Irapuato, Guanajuato. CP 36821.

Pleurotus ostreatus es un hongo de pudrición blanca empleado para desarrollar métodos de biorremediación de compuestos xenobióticos y recalcitrantes, debió a que posee un sistema enzimático de carácter no específico, capaz de catalizar la oxidación y/o hidrólisis de estos y otros tipos de compuestos orgánicos. Además ha demostrado oxidar colorantes eficientemente en comparación con enzimas producidas por otros hongos, reportándose la influencia de la estructura de colorantes sobre los patrones de expresión de oxidasas producidas por este hongo durante el proceso de crecimiento y decoloración. El objetivo de este trabajo es estudiar los patrones de expresión de los genes de las isoformas de lacasa de *P. ostreatus* en fermentación sumergida en presencia de colorantes azul remazol y amarillo azo. Se realizaron fermentaciones sumergidas de *P. ostreatus* en presencia y ausencia de colorante azul remazol y amarillo azo (500 ppm) a pH inicial de 6.5 a 120 rpm a 25°C, muestreando cada 24 horas, hasta alcanzar la fase estacionaria de crecimiento (552 hrs). Posteriormente se realizaron extracciones de RNA total de cinco tiempos seleccionados dentro de las fases exponencial y estacionaria de ambas condiciones. Para los ensayos de RT-PCR se utilizaron oligonucleótidos específicos para cada gen de isoforma de lacasa. Mediante ensayos de RT-PCR se generaron patrones de expresión que indicaron los genes de las isoformas que mayoritariamente se expresaron durante los tiempos de crecimiento seleccionados y bajo las condiciones estudiadas, fueron: *pox2*, presentando particularmente un alto nivel de expresión con colorante, seguida de *poxa1b* y minoritariamente *pox1*, *pox3* y *pox4*. Por lo cual, posiblemente *pox2* sea expresada de manera constitutiva y contribuya mayoritariamente a la oxidación del colorante, mientras que *poxa1b* muestra un mayor nivel de expresión en la condición basal, al contrario de *pox1* que solo se expresó a las 552 hrs en presencia de colorante.

AVANCES DEL ANÁLISIS DE LAS MUTACIONES CCR5 Δ 32 Y SDF1-3'A EN PACIENTES CON VIH/SIDA SINALOENSES

Cázarez-Salazar SG^{1,2}, Díaz-Camacho SP², Osuna-Ramírez I², Zamora-Gómez R³, Valdez-Chávez K⁴, Estrada-Aguirre A² y Velarde-Félix JS^{1,4*}

¹Centro de Medicina Genómica del HGC-SSS, ²Maestría en Ciencias Biomédicas de la FCQB-UAS, ³CAPASITS-Culiacán. ⁴UA de Biología-UAS. jsvelfe@hotmail.com

Existe una gran variación en el curso de la infección por VIH-1 entre los individuos infectados, la vulnerabilidad a presentar la infección por el VIH-1 y la progresión inicial a SIDA pueden verse afectadas por variaciones en los genes que codifican co-receptores virales y sus ligandos. El principal co-receptor viral es la proteína CCR5 y la presencia del alelo mutante CCR5 Δ 32, se caracteriza por producir una proteína no funcional, confiriendo protección contra la infección en individuos homocigotos para este alelo. Otra mutación clave en la patogénesis del VIH, es la mutación SDF-1 3'A que confiere un efecto protector contra la infección y progresión a SIDA. En este trabajo nos propusimos analizar los polimorfismos CCR5 Δ 32 y SDF-1 3'A y su relación con VIH-1/SIDA en pacientes sinaloenses. Se realizó un estudio de casos y controles donde hemos analizado hasta el momento un grupo de 356 pacientes con VIH/SIDA, así como de un grupo de 472 controles para CCR5 y 163 pacientes y 205 controles para SDF-1, señalando que aún faltan realizar estudios de correlación entre las frecuencias genotípicas con los valores de carga viral y conteo de CD4. El DNA genómico se obtuvo mediante el método DTAB-CTAB. El genotipo de CCR5 fue determinado mediante PCR y el alelo SDF-1 3'A fue detectado por PCR-RFLP. Las frecuencias genotípicas se obtuvieron por conteo directo y mediante la prueba ji cuadrada disponible en <http://ihg2.helmholtz-muenchen.de/cgi-bin/hw/hwa1.pl> se determinó si la distribución de genotipos de la mutación se encuentra en equilibrio de Hardy-Weinberg. Valores menores de $p < 0.05$ fueron considerados estadísticamente significativos. Para CCR5 Δ 32 en el grupo de pacientes se observó una diferencia significativa de $p = 0.02$ del genotipo heterocigoto, con 8.43% en varones contra 1.86% en mujeres, con lo cual el genotipo R5/ Δ 32 es 4.8 veces más común en pacientes varones que en mujeres. Para el alelo SDF-1 3'A el genotipo homocigoto 3'A/3'A se encuentra aumentado 3.5 veces más en mujeres pacientes 8.1% (6/74) contra controles 0% (0/66), siendo marginalmente significativo, $p = 0.05092$, este resultado contradice parcialmente el papel protector de esta mutación; sin embargo, existen estudios que confirman estos hallazgos.

LA ISOFORMA ApoE4 SE RELACIONA CON MAYOR RIESGO ATEROGÉNICO EN MUJERES GUERRERENSES

Cahua-Pablo G, Antúnez-Ortiz DL, Del Moral-Hernández O, Leyva-Vázquez MA, Parra-Rojas I y Flores-Alfaro E*

*Laboratorio de Enfermedades Crónico Degenerativas. Unidad Académica de Ciencias Químico-Biológicas, Universidad Autónoma de Guerrero. Av. Lázaro Cárdenas s/n, Ciudad Universitaria, Chilpancingo, Gro. efloresa_2@hotmail.com

La apolipoproteína E (ApoE) está involucrada en la regulación del metabolismo de las lipoproteínas debido a su capacidad de asociarse con éstas, así como con la familia de receptores de lipoproteínas de baja densidad (LDLR). Se han identificado tres isoformas de la ApoE (E2, E3 y E4) que se han asociado con enfermedad cardiovascular y diabetes. El propósito de este estudio fue determinar las isoformas en la ApoE y su relación con el síndrome metabólico (SM), para lo cual, se realizó un análisis de casos y controles en 110 mujeres con SM y 238 sin este síndrome, originarias del estado de Guerrero, se les midió peso, talla, circunferencia de cintura (CC), presión arterial, concentración sérica de glucosa, colesterol, triglicéridos, col-HDL y col-LDL; la identificación de las isoformas se realizó a través del análisis de los polimorfismos 388T>C y 526C>T en el gen *APOE* por PCR en tiempo real utilizando sondas TaqMan. La frecuencia para la isoforma ApoE3 fue del 77.2%, un 16.7% para ApoE4 y 6.1% para ApoE2. No se encontró asociación significativa entre las diferentes isoformas y el SM, sin embargo, las concentraciones de colesterol LDL y colesterol total fueron mayores en las portadoras de la isoforma ApoE4, con promedios de 152.2 mg/dl y 186.2 mg/dl respectivamente, en comparación con la isoforma ApoE3, 118.1 mg/dl y 165.2 mg/dl respectivamente. Las portadoras de la isoforma ApoE4 tuvieron 2.3 veces más riesgo de presentar valores elevados de colesterol aterogénico LDL (≥ 130 mg/dl), en comparación con las mujeres portadoras de la isoforma ApoE3 ($P=0.005$). Estos resultados sugieren que la isoforma ApoE4 puede estar relacionada con el desarrollo de aterosclerosis.

DIFERENCIAS MORFOGENÉTICAS DE LA MEDUSA BOLA DE CAÑÓN (*Stomolophus meleagris*, L. AGGASIZ 1860) EN EL GOLFO DE CALIFORNIA

Nevárez-López CA¹, Hernández-Saavedra NY¹, López-Martínez J^{2*}
y Valdez-Holguín JE³

¹Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S. C. Mar Bermejo No. 195, Playa Palo de Santa Rita, PO Box 128, La Paz, Baja California Sur, México. cnevarez@cibnor.mx, nhernan04@cibnor.mx. ²Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S. C. Km. 2.35 Camino al Tular, Estero de Bacochibampo, PO Box 349, Guaymas, Sonora, México. jlopez04@cibnor.mx. ³Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas, Universidad de Sonora, Luis Donaldo Colosio s/n, entre Sahuaripa y Reforma Colonia Centro C.P. 83000, Hermosillo, Sonora, México. jvaldez@guayacan.uson.mx

Stomolophus meleagris o medusa bola de cañón se identifica por su color azul, sin embargo en la naturaleza se han encontrado organismos que presentan distintos patrones de coloración, sin existir a la fecha ningún reporte genético de la especie en relación a estas coloraciones. En las costas del Estado de Sonora, donde esta especie es frecuente, se observan diferentes coloraciones de la misma, particularmente en la región de Las Guásimas y Bahía de Kino. Se llevó a cabo una investigación orientada a evaluar si los fenotipos observados en *S. meleagris* en las costas de Sonora corresponden a diferentes especies o a una sola, generando información valiosa del conocimiento de la especie. Se realizaron colectas en la región de Las Guásimas y en Bahía de Kino, registrándose los datos de cada organismo así como las variables fisicoquímicas del agua. Se aisló ADN total y se amplificaron las regiones del mtDNA (12S y COI) y nDNA (ITS1). Con las secuencias obtenidas de mtDNA se realizaron análisis de estructura genética (Mega y Arlequin) y relaciones evolutivas (PAUP) y se realizó un análisis de regresión lineal simple entre los parámetros fisicoquímicos y la distribución de los fenotipos. En la región de Las Guásimas se registraron los fenotipos blanco y azul (siendo el fenotipo azul más abundante); en la región de Bahía de Kino, el fenotipo blanco no se encontró, presentándose especímenes azules y morados. El análisis de las secuencias obtenidas para los genes COI y 12S, revelaron que los fenotipos encontrados, en la distribución de la especie (azul, blanco y morado), no presentan diferencias a nivel de especie; se encontró una correlación ($R^2 = 0.87$) entre la presencia de medusas blancas con los registros más bajos de temperatura (23.5°C). Los resultados sugieren que en el Golfo de California hay un stock genético de esta especie y los patrones de pigmentación diferencias observadas son debidas a la variabilidad fenotípica como una posible respuesta al medio ambiente.

DAÑO AL DNA POR ESTRÉS OXIDANTE Y EXPRESIÓN DE GENES CON FUNCIÓN ANTIOXIDANTE EN TIMO DE RATAS DESNUTRIDAS EXPERIMENTALMENTE

Gavia-García G¹, González-Martínez H¹, Nájera O², Miliar A³, Koninsberg-Fainstein M¹, Luna A¹, Conde-Pérez Prina C¹, Bonilla-González E y González-Torres MC^{1*}

¹Depto. de Ciencias de la Salud UAM-I. ²Dpto. de Atención a la Salud UAM-X. ³Escuela Superior de Medicina IPN. mcgt@xanum.uam.mx

La desnutrición calórico-proteica (DCP) es la consecuencia de la ingestión y/o utilización de dietas con bajo contenido proteico principalmente, con una ingesta variable de carbohidratos. Un órgano fundamental para el sistema inmunológico y altamente susceptible a los efectos de la desnutrición es el timo. En condiciones normales, existe un balance entre la producción de especies reactivas de oxígeno (ERO) y los sistemas de defensa antioxidante. Diversos estudios han asociado a la DCP con un incremento de daño a nivel del DNA y con una disminución de diferentes antioxidantes. No se ha reportado hasta el momento que el daño al DNA sea provocado por estrés oxidante, que podría estar relacionado con la desregulación de genes relacionados con protección antioxidante. El objetivo del presente trabajo fue determinar en timo de ratas desnutridas el daño al DNA por estrés oxidante, y asociarlo con la expresión relativa de genes que participan en la regulación de ERO. El estudio se realizó en ratas lactantes, a las que mediante el método de competencia de alimento se les indujo desnutrición. Para determinar el daño al DNA se cuantificó la 8-OHdG, utilizando la técnica de HPLC. Mediante qPCR se determinó la expresión relativa de los mRNA de p53, Nrf2, SOD, GPx y CAT. Los resultados obtenidos indican que existe un incremento de daño por estrés oxidante en el DNA de timo de ratas desnutridas, y disminución en la expresión relativa de p53, Nrf2, SOD, GPx y CAT, los que se vieron afectados en mayor medida conforme el grado de desnutrición fue más evidente. En este trabajo se confirmó, que la desnutrición está relacionada con mayor nivel de daño al DNA, parte del cual se debe al estrés oxidante, asociado con niveles bajos de expresión de los genes que son transcritos por p53 y Nrf2. Así mismo, se observó que un mayor desgaste corporal está relacionado con alteraciones de mayor gravedad en el estado oxido-reducción en el timo, que conduce a un mayor daño por estrés oxidante en el DNA, lo que pudiera comprometer la función del timo y con esto la función inmunológica de un organismo desnutrido.

ESTUDIO AEROBIOLÓGICO Y DETECCIÓN MOLECULAR DE UREDOSPORAS DE *Phakopsora pachyrhizi* CAUSANTE DE LA ROYA ASIÁTICA EN CULTIVOS DE SOYA EN MÉXICO

Guerrero-Parra HA¹, Terán-Vargas AP², Reyes-Montes R³, Cárcamo-Rodríguez A⁴, Gómez-Arroyo S¹ y Calderón-Ezquerro C^{1*}

¹Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). México, 04510, MX. ²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Las Huastecas ³Facultad de Medicina, UNAM. ⁴Dirección General de Sanidad Vegetal, SENASICA, SAGARPA. mclce@atmosfera.unam.mx

La roya asiática es una enfermedad que ataca los cultivos de soya (*Glycine max* (L.) Merr.), además de otras leguminosas de importancia económica en México. Esta enfermedad es causada por el hongo *Phakopsora pachyrhizi* Syd. & P. Syd, el cual se ha diseminado principalmente por el viento a través de los continentes de Asia, África y América, incluyendo México. En condiciones ambientales óptimas para el desarrollo del hongo, la enfermedad progresa causando la defoliación severa de las plantas en tres semanas. La importancia de esta enfermedad radica en su alta capacidad de dispersión y el monto de las pérdidas que puede ocasionar. El monitoreo del inóculo de este patógeno en el aire a través del ciclo agrícola y el seguimiento de su proceso aerobiológico, son básicos para planificar las estrategias de manejo de la enfermedad causada por el hongo. La detección temprana y la diagnosis de *P. pachyrhizi* permite predecir con mayor exactitud en tiempo y espacio su presencia en el ambiente. En este estudio se evaluó el método de monitoreo y detección por PCR del ADN de urediniosporas dispersas en la atmósfera de cultivos agrícolas. Se verificó la viabilidad de la obtención de muestras aerobiológicas de urediniosporas del hongo con la trampa de esporas tipo Hirst. Se estandarizó la técnica para la obtención de ADN de urediniosporas y su detección por PCR con los oligonucleótidos específicos Ppa1 y Ppa2. Además, se diseñaron los oligonucleótidos específicos Ppa1-aF y Ppa2-aR para mejorar la sensibilidad de detección mediante una PCR anidada. El monitoreo y detección en campo con la trampa de esporas Hirst se llevó a cabo en cultivos de soya en riesgo de infección durante el período de mayo de 2010 a noviembre de 2011 en el Municipio de Altamira, Tamaulipas. Los resultados mostraron que la detección molecular de *P. pachyrhizi* fue positiva para el período de septiembre a diciembre de 2010, y en enero, febrero y abril de 2011. Se logró oportunamente la detección de urediniosporas en el aire cinco semanas antes de que se observaran signos visibles de la enfermedad en los cultivos de soya.

EVALUACIÓN *IN VIVO* DEL EFECTO GENOTÓXICO INDUCIDO POR ACETATO DE TALIO EN RATÓN CD-1 POR LA PRUEBA DE ABERRACIONES CROMOSÓMICAS

Rodríguez-Mercado JJ*, Buendía-Valverde ML, Mateos-Nava RA y Altamirano-Lozano MA

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental. UMIE, Facultad de Estudios Superiores-Zaragoza, Campus II, UNAM. AP 9-020, CP 15000, D.F., México.

* juserom@unam.mx

El talio (Tl), es un metal pesado no esencial considerado altamente tóxico, presenta dos estados de oxidación Tl^+ y Tl^{3+} , que por su parecido con cationes como el potasio (K^+) puede atravesar las membranas biológicas e interferir en el metabolismo. Actualmente su uso está limitado a muy pequeñas cantidades sin embargo, se sigue empleando en combinación con otros elementos en la industria y en la elaboración de productos farmacéuticos. Hoy en día, todavía son pocos los estudios acerca de su efecto genotóxico, no obstante se ha observado que en cultivos de linfocitos humanos inhibe la mitosis e incrementa las aberraciones cromosómicas estructurales (ACE). Partiendo de los datos anteriores en este trabajo decidimos buscar estos efectos *in vivo*, para lo cual se evaluó el índice mitótico (IM) y las ACE en células de la médula ósea de ratones hembra de la cepa CD-1 tratadas con acetato de talio (CH_3COOTl). Se formaron 5 grupos de cinco ratones: un grupo control sin tratamiento y cuatro grupos tratados vía intraperitoneal con dosis de 1/8, 1/4, 1/2 y 1 LD_{50} (correspondientes a 4.62, 9.25, 18.5 y 37 mg/Kg), respectivamente. Los resultados mostraron disminución significativa del IM en todas las dosis y únicamente incremento de las células con ACE cuando en el análisis se incluyen las lesiones acromáticas; ambos marcadores sin un patrón dosis-efecto. Esto sugiere que el acetato de talio es capaz de inducir citotoxicidad y daño cromosómico, sin embargo esta última conclusión debe tomarse con reserva debido a que las lesiones acromáticas no han sido aceptadas del todo. Apoyo UNAM-DGAPA proyecto PAPIIT IA201312.

EFFECTO DE LA DESNUTRICIÓN MODERADA Y GRAVE EN LA PROLIFERACIÓN DE CÉLULAS DE BAZO

Cortés-Barberena E, González-Márquez H y Ortiz-Muñiz R*

Departamento Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, Avenida San Rafael Atlixco 186 CP 09340, México, D. F. arom@xanum.uam.mx

En estudios previos, se han observado alteraciones en la proliferación de médula ósea de ratas con desnutrición grave en la lactancia. Actualmente ha surgido el interés de evaluar la proliferación con otras metodologías en desnutrición moderada, además de la grave, así como en otros tejidos linfoides para obtener más información de los efectos de la desnutrición en el sistema inmunológico. El objetivo de este trabajo fue determinar el efecto de la desnutrición moderada y grave sobre la proliferación y la duración de las fases del ciclo *in vivo* de células de bazo de ratas de 21 días de edad. La proliferación de las células de bazo se determinó administrando bromodesoxiuridina (BrdU) a cuatro ratas en los grupos de 2, 4, 6 y 8 horas. La incorporación se detectó con anticuerpos monoclonales anti-BrdU, conjugados con fluoresceína (FITC), el contenido de ADN total se detectó con yoduro de propidio y se evaluaron por citometría de flujo. La proporción de células proliferantes (BrdU+) en todas las fases del ciclo celular disminuyó en las ratas con desnutrición moderada (DN2°) y grave (DN3°). Se observaron diferencias en la duración de las fases del ciclo celular en las ratas desnutridas. El tiempo de la fase G₁ disminuyó en el grupo DN2° (DN2°: 3.4±0.3h, DN3°: 5.5±0.4h; BN: 5.4±0.5h); el tiempo de la fase S se incrementó (DN2°: 9.6±1.1h, DN3°: 4.3±1.1h; BN: 3.6±1.1h), en las DN3° el incremento no fue significativo. El tiempo total del ciclo fue de 14.4±0.9h en las ratas DN2°, en las DN3° de 11.0±0.7h, y las BN de 10.5±0.7h. Por otro lado, la fracción de células en crecimiento fue significativamente menor en ambos grupos de ratas desnutridas, y fue el grupo de ratas DN3° el que tuvo el porcentaje menor (DN2°: 30.9±1.8%, DN3°: 19.9±1.3%; BN: 47.0±4.4%). Este estudio muestra que la desnutrición grave no cambia significativamente la duración de las fases del ciclo, sin embargo, la fracción de las células proliferantes es mucho menor. En la desnutrición moderada, el tiempo de la fase S y la duración total del ciclo se incrementan, en comparación con las ratas bien nutridas. Apoyos CONACyT: claves 50804 y 118848.

ASOCIACIÓN DE LA ADIPONECTINA Y DE LOS POLIMORFISMOS RS767870 EN EL GEN ADIPOR2 Y RS3821799 EN EL GEN ADIPOQ CON OBESIDAD Y FACTORES ATEROGÉNICOS

Antúñez-Ortíz DL¹, Tello-Flores V¹, Pineda-Salgado G¹, Gutierrez-Salazar DC¹, Alarcón-Romero LC¹, Moreno-Godínez ME¹, Mendez-Patrón A², Valladares-Salgado A², Cruz-López M² y Flores-Alfaro E*¹

¹Laboratorio de Enfermedades Crónico Degenerativas. Unidad Académica de Ciencias Químico-Biológicas, Universidad Autónoma de Guerrero. Av. Lázaro Cárdenas s/n. Ciudad Universitaria, C.P. 39070, Chilpancingo, Gro. ²Unidad de Investigación Médica en Bioquímica. Hospital de Especialidades, Centro Médico Nacional Siglo XXI, IMSS. Av. Cuauhtemoc 330, Col. Doctores C.P. 06720, México D. F. efloresa_2@hotmail.com

La adiponectina estimula la oxidación de ácidos grasos, reduce los triglicéridos y mejora el metabolismo de la glucosa, ejerce un efecto protector sobre los vasos sanguíneos debido a sus efectos anti-inflamatorios y anti-aterogénicos. Variación en los genes ADIPOQ y ADIPOR2 se han asociado con mayor riesgo de desarrollar síndrome metabólico (SM), diabetes tipo-2 (DT2), enfermedad cardiovascular o fenotipos de estas enfermedades. El propósito de este estudio fue evaluar la asociación de los polimorfismos rs1501299 y rs3821799 en el gen ADIPOQ y rs767870 en ADIPOR2, y los niveles de adiponectina con SM o fenotipos de riesgo aterogénico en mujeres guerrerenses. Se realizaron mediciones antropométricas, de presión arterial, glucosa, triglicéridos, colesterol, col-LDL y col-HDL, y se identificaron los polimorfismos por PCR-TR. Los niveles de adiponectina fueron mayores en las mujeres sin SM (13.5 vs. 4.6 µg/ml) y se correlacionaron negativamente con la edad, circunferencia de cintura, presión arterial, glucosa y triglicéridos, y positivamente con col-HDL. Las mujeres con sobrepeso u obesidad presentaron niveles disminuidos de adiponectina (OR=1.7; p=0.016 y OR=3.6; p=<0.001 respectivamente), indicando la relación de la adiponectina con el desarrollo de SM, DT2 o aterosclerosis. No se encontraron diferencias significativas entre los polimorfismos con SM, sin embargo, las mujeres portadoras del genotipo AG o GG del rs767870 presentaron significativamente niveles menores de glucosa (76 mg/dl) en comparación con las del genotipo AA (81 mg/dl) sugiriendo que el gen ADIPOR2 está relacionado con el desarrollo de DT2. Los polimorfismos rs1501299 y rs3821799 se encontraron en fuerte desequilibrio de ligamiento ($D' = 0.9562$), y las mujeres portadoras del genotipo CC del rs3821799 tuvieron valores mayores de col-LDL y menores de col-HDL, con promedios de 127.8 mg/dl y 37.1 mg/dl respectivamente, en comparación con el genotipo TT, 109.4 mg/dl y 39.9 mg/dl respectivamente, sugiriendo que el gen ADIPOQ participa en el desarrollo de aterosclerosis.

DETERMINACIÓN DE FACTORES DE LA COAGULACIÓN Y DE LAS PROTEÍNAS C, S, AT Y PLASMINÓGENO EN ADULTOS MAYORES

Gonzalez-Espinosa L¹, Rodríguez-Villa A¹, Gómez-Ávila VM¹, Hernández-Zamora E², Zavala-Hernández C³, Rosales-Cruz E¹ y Reyes-Maldonado E^{1*}

¹Departamento de Morfología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional. Prol. Manuel Carpio s/n esq. Plan de Ayala. Santo Tomás, México, D.F. P ²Servicio de Genética, ³Laboratorio Central de Patología Clínica, Instituto Nacional De Rehabilitación. Calzada México Xochimilco 289. Arenal de Guadalupe 14389. Tlalpan. *relba@hotmail.com

La hemostasia protege de procesos hemorrágicos al ocurrir daño endotelial vascular. Intervienen vasos sanguíneos, plaquetas, factores de la coagulación (FC), proteínas antitrombóticas (PA) como: proteína C (PC), proteína S (PS), antitrombina (AT) y el plasminógeno (Plg). La interacción de estos factores con enfermedades en adultos mayores (AM)-es poco conocida, y se relacionan con problemas tromboticos, incluyendo infartos. En México la población mayor a 65 años en el año 2000 era de 21.6 millones y se incrementará a 26.1 millones para el 2051. El objetivo de este trabajo fue determinar los niveles de los FC, de PC, PS, AT y Plg en una población de AM de 50 años. 173 AM, se dividieron en: pacientes (71 mujeres y 73 hombres), aquellos que presentaron al menos una patología asociada, entre las que destacaron, insuficiencia venosa periférica (47%), hipertensión arterial (44%), dislipidemia (42%), entre otras. Y el grupo testigo (14 mujeres y 15 hombres), sin patologías aparentes. Los participantes se estudiaron por grupos de edad (décadas). Se determinaron los FC (I, II, V, VII, VIII, IX, X, XI y XII), las PA (PC, PS, AT, Plg) y el perfil de lípidos mediante pruebas coagulométricas y cromogénicas (IL Diagnostics). Se encontraron diferencias entre testigos y pacientes al comparar HDL, VLDL, triglicéridos, FI, FVIII, FIX y FXI. Es importante establecer valores de referencia del FI y FX por década y género, para FVII y FXII por género. Para el FII, FV, FVIII, PC, PS y Plg por década; y para FIX, FXI y AT pueden utilizarse los valores de referencia obtenidos para adultos de población mexicana. Es importante integrar estos resultados en los algoritmos diagnósticos establecidos, como una guía práctica de evidencias que pueden ser tomadas en cuenta para ofrecer un diagnóstico integral y certero para los pacientes con sospecha de trombofilia y enfermedades tromboticas; así como ofrecer tratamiento, sugerir hábitos que mejoren calidad de vida, para mantener un estado de salud óptimo y prevenir episodios tromboticos posteriores.

CNG2012 031

ANÁLISIS DE DAÑO AL ADN DE LINFOCITOS HUMANOS EXPUESTOS IN VITRO AL INSECTICIDA OBERON MEDIANTE EL ENSAYO COMETA ALCALINO

Vizcaíno-Ríos E, Calderón-Segura ME y Gómez-Arroyo S*

Laboratorio de Toxicología Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM. Circuito Exterior, S/N Ciudad Universitaria, Coyoacán México D.F. elizeth_tona@hotmail.com

El plaguicida Oberon, es un derivado cetoenol (spiromesifen). Agroquímico de reciente producción en nuestro país, el cual es aplicado para controlar plagas de insectos de cultivos agrícolas tales como melón, sandía, calabaza y pepino. Sin embargo, su acción genotóxica no ha sido determinada. Por lo que en presente estudio se evaluó el daño sobre el ADN en linfocitos periféricos humanos expuestos *in vitro*, a concentraciones de 0.95, 1.46, 1.67, 1.95 y 2.92 M de plaguicida por 2 h mediante el ensayo cometa alcalino, el cual es un método sensible y rápido para detectar fragmentación de ADN *in vivo* e *in vitro*. Tres parámetros genotóxicos fueron analizados, la frecuencia de cometas, la longitud y el momento de la cauda. Los resultados mostraron que el insecticida Oberon induce daño al ADN, aumentando significativamente los tres parámetros genotóxicos comparados con el testigo, con una relación de concentración-efecto. Este estudio reporta las primeras evidencias científicas sobre los efectos genotóxicos e inmunotóxicos de un nuevo insecticida cetoenol, en los linfocitos periféricos humanos *in vitro*.

DETECCIÓN DEL DAÑO AL ADN EN EPITELIO DE LA MUCOSA BUCAL EN LA POBLACIÓN INFANTIL DE EL FRAILE EN TAXCO DE ALARCÓN GUERRERO

Salinas-Alcántara L, Hurtado-Brito P, Talavera-Mendoza O, Díaz-Villaseñor E, García-Martínez RA, Ramírez A, Carbajal-López Y, Gómez-Arroyo S y Calderón-Segura ME*

Universidad Autónoma de Guerrero, Unidad Académica de Ciencias de la Tierra, Unidad de Ciencias Químicas, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Toxicología Ambiental, Universidad Nacional Autónoma de México Circuito Exterior, Ciudad Universitaria, Del. Coyoacán, 04510 México D.F. sliliana98@gmail.com

El Distrito de Taxco de Alarcón, Guerrero es un sitio ex-minero con más de 450 años de actividad minera intensa, poniéndole fin a esta explotación en el año 2006; tenido como resultado la acumulación de grandes cantidades de residuos tóxicos, tales como los metales pesados, los cuales han mostrado efectos adversos en la salud humana. En el presente estudio evaluó el daño sobre el ADN mediante el ensayo cometa alcalino en epitelio de la mucosa bucal en las poblaciones infantiles del Fraile (n=50) y Chilpancingo (n=50 como sitio testigo, zona suburbana), Guerrero. Los resultados del ensayo cometa alcalino muestran incremento significativo ($P < 0.05$) en los promedios de la frecuencia de cometas (45.68 ± 20.59), en la longitud de la cauda (19.79 ± 11.50) y en el momento de la cauda (4.24 ± 2.54) en las células del epitelio de la mucosa bucal de la población de "El Fraile" con respecto al grupo testigo. No hubo diferencias significativas ($P < 0.01$) en los tres parámetros genotóxicos entre los rangos de edades (6-7, 8-9 y 10-12 años) y el sexo en la población infantil de El Fraile. Los resultados de este estudio demuestran la existencia de daño al ADN en la población infantil que vive en la zona aledaña en la zona exminera de Taxco.

EFFECTOS GENOTÓXICO E INMUNOTÓXICO *IN VITRO* DE LOS PLAGUICIDAS SCALA Y ENVIDOR EN LINFOCITOS DE SANGRE PERIFÉRICA

Eslava-Avilés EC, Calderón-Segura ME y Gómez-Arroyo S*

Centro de Ciencias de la Atmósfera, Toxicología Ambiental, Universidad Nacional Autónoma de México Circuito Exterior, Ciudad Universitaria, Del. Coyoacán, 04510 México D.F.
nobunaga_2@hotmail.com

El plaguicida Envidor es un nuevo insecticida ácido tetrónico (spirodicoflen) para el control de ácaros fitófagos. El agroquímico Scala, fungicida pirimidina (pirimetanil) es utilizado para prevenir enfermedades en los cultivos de papa y maíz. Sin embargo, sus efectos genotóxico e inmutotóxico de ambos plaguicidas no se han reportado. El presente trabajo evaluó el daño sobre el ADN de los linfocitos periféricos humanos (LPH) expuestos *in vitro* a 1.16, 1.45, 1.9, 2.9, 5.8, 11.6 y 23.1 molar Envidor y 7.5, 10, 15, 30, 60, 120 y 300 molar de Scala, por 2 horas a 37°C mediante el ensayo cometa alcalino. El efecto genotóxico fue cuantificado con la frecuencia de cometas, la longitud y el momento de la cauda en 100 núcleos por concentración de cuatro experimentos independientes. La acción inmunotóxica de los dos agroquímicos fue mediante la detección de los niveles séricos de la citocina TNF- α por ELISA. Los resultados evidencian que los dos plaguicidas inducen daño al ADN de los linfocitos humanos al aumentar significativamente los tres parámetros genotóxicos comparados con el testigo (LPH más medio RPMI1640, sin plaguicidas). Los niveles serológicos de citocina TNF- α no mostraron cambios significativos para los dos plaguicidas. Este estudio reporta las primeras evidencias de los efectos genotóxico e inmunotóxico *in vitro* de nuevos plaguicidas comerciales Scala y Envidor en linfocitos periféricos humanos.

ESTRUCTURA GENÉTICA ESPACIAL A ESCALA FINA DE UNA POBLACIÓN DE *Zamia furfuracea* L. f.

Octavio-Aguilar P^{1*}, Iglesias-Andreu LG², Mora-Calderón DM³ y Baldo-Romero MA²

¹Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria. Boulevard Emilio Portes Gil No. 1301 Pte. Apartado Postal 175. Ciudad Victoria, Tamaulipas, México. ²Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada (INBIOTECA), Universidad Veracruzana. Campus para la Cultura, las Artes y el Deporte. Av. de las Culturas Veracruzanas No. 101, Colonia Emiliano Zapata, C.P. 91090, Jalapa, Veracruz, México. ³Instituto Tecnológico Superior de Misantla. Km. 1.8 Carretera a Loma del Cojolite. C.P. 93821. Misantla, Veracruz, México. aguilpo@yahoo.com.mx

La estructura genética asociada a la distribución espacial de los individuos en una población vegetal nos permite conocer la paternidad y el tamaño de los vecindarios genéticos y los patrones de dispersión de polen y semillas. Además, constituye una herramienta importante para la determinación de los riesgos de extinción a nivel local y la elaboración de planes de manejo. Bajo este contexto, se realizó un trabajo basado en marcadores ISSRs en una población amenazada de la cícada endémica de México *Zamia furfuracea* L. f. Se utilizó un transecto de 40 x 200 a lo largo de la población para censar a los individuos; se determinó su ubicación espacial usando un GPS y se tomaron muestras de tejido vegetal. Se obtuvo ADN de cada individuo por el método de Steward y Vía y se amplificaron con PCR cinco iniciadores ISSR para cada muestra, todos los estudios se hicieron por triplicado. Se determinó la diversidad genética (heterocigosis, polimorfismo, promedio de alelos por locus y número efectivo de alelos por locus), con estos elementos se construyeron bases de datos con las frecuencias alélicas para realizar análisis de autocorrelación espacial y de bottleneck. Los resultados obtenidos mostraron que el vecindario genético está estrechamente relacionado con los patrones de dispersión del polen por parte de insectos específicos del género rhopalotria y que existe una importante presión selectiva a lo largo del ciclo de vida de esta especie, manifiesta en una adecuación diferencial entre categorías, lo que genera una estructura bien definida al interior de la población. Finalmente, esta población la reducción en el tamaño poblacional se manifiesta en la transición de plántulas a juveniles.

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DE ALGUNAS ESPECIES DE *Scenedesmus* (CHLOROPHYCEAE) DE MÉXICO

Corona Arzola A, Garduño Solórzano G*, Martínez García M, Campos Contreras JE, Quintanar-Zúñiga RE y Monsalvo-Reyes A

Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM. UBIPRO y Herbario IZTA. ggs@unam.mx

La gran diversidad de las algas que existen hace difícil el desarrollo de protocolos universales para su estudio taxonómico, por lo cual desde hace algunos años se utilizan la ultraestructura y estudios moleculares para dilucidar entre las diversas problemáticas sistemáticas en los diferentes grupos algales. Un ejemplo de esto es el género *Scenedesmus* Meyen, 1829 ubicado en la División Chlorophyta, orden Chlorococcales, transferido actualmente a Sphaeropleales, de los cuales se conocen 1300 taxa infraespecíficos, que muchas de ellas son pleomorficas por lo cual puede ser un dato sobrevalorado. A finales de los noventa este taxa fue separado en *Desmodemus*, *Scenedemus* y *Acutodesmus*. El presente estudio está enfocado en el análisis morfológico y molecular de diferentes taxa del género *Scenedesmus sensu latum* de algunos ambientes dulceacuícolas de México. Se elaboró una base de datos en Excel para documentar la distribución del género en México. Para la obtención de material biológico fueron colectados en doce localidades, los organismos se determinaron *in vivo* con ayuda de claves especializadas. Los cultivos clonales se obtuvieron a través de aislamientos con una pipeta Pasteur adelgazada para la obtención de un cenobio, utilizando tubos con medio Bold basal modificado y fertilizante "fertiplus"; mismos que se escalaron para la obtención de biomasa necesaria para el protocolo de extracción del ADN genómico y la secuenciación de la región ITS2 ADNr. La base de datos contiene la información del periodo de 1941 al 2008, donde se reúnen en 161 registros, 91 taxa infraespecíficos del género estudiado; la entidad federativa con mayor número de especies (44) fue Jalisco. Las especies citadas con mayor frecuencia fueron *Scenedesmus acuminatus* y *S. quadricauda* con más de 10 registros, en contraste, 62 especies, solo han sido citadas una vez. Se determinaron con apoyo de microscopia electrónica de barrido y cultivos clonales tres especies: *S. obliquus* var. *dimorphus*, *Desmodemus armatus* y *S. raciborskii*. De ellas, se obtuvo la secuencia de la región ITS2 y se comparó con los datos del Centro Nacional para la Información Biotecnológica. Para *S. raciborskii* no hay datos en NCBI, por lo que esta es la primera contribución.

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DE 20 COLECTAS DE TEOCINTLE (*Zea spp.*) EN EL VIVERO DE SAN LUÍS TLAXIALTEMALCO, XOCHIMILCO

Patlan-Rodríguez A^{1,4}, Morales-Gómez MC^{1,2,3}, Fernández-López J^{1,2}, Muñoz-Moreno ML³ y Díaz-Badillo Á^{1,2,*}

¹Coordinación Académica, Universidad Autónoma de la Ciudad de México. ²Laboratorio de Diagnóstico Molecular de la DGCORENA-SMAGDF. ³Departamento de Genética y Biología Molecular, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional. ⁴Escuela Nacional de Ciencias Biológicas del Instituto Politécnico Nacional. San Luís Tlaxialtemalco, Xochimilco D.F. 16610. alvaro@cinvestav.mx, ldmcorena@gmail.com

México es el centro de origen y diversidad de las razas de maíz. El teocintle, considerado el pariente más cercano del maíz, ha sido catalogado por diversos autores como una gran influencia en el incremento de la variabilidad y la formación de las principales razas de maíz en México, debido entre otras razones al sistema de reproducción que permite la hibridación natural en ambos sentidos, lo cual hace posible un constante flujo de genes. Diversas investigaciones concluyeron que el teocintle puede ser un germoplasma valioso para el mejoramiento del maíz, ofreciendo cierta resistencia a aspectos tales como las enfermedades y otros factores adversos como la desecidad o salinización. Adicionalmente, se ha comprobado que el germoplasma de teocintle puede ser transferido al maíz y persiste en las generaciones avanzadas de retrocruzamiento. La diversidad genética dentro de las especies es la razón principal por la que una determinada especie tiene la oportunidad de evolucionar bajo condiciones cambiantes del ambiente y presiones de selección; así mismo, el conocimiento de la diversidad genética es indispensable para diversificar las fuentes de germoplasma. Con el objetivo de evaluar el nivel de diversidad morfológica y genética de teocintles nativos de los nichos ecológicos del Vivero de San Luís Tlaxialtemalco, Xochimilco, Distrito Federal, se desarrolló la presente investigación, la cual se dividió en dos etapas. La primera comprendió una caracterización morfológica, evaluando 20 poblaciones nativas de la región de estudio y 5 testigos raciales donados por el CIMMYT. La segunda consistió en un análisis proteómico y de ADN genómico de las mismas muestras. En la primera se detectó poca diversidad morfológica entre poblaciones, observándose diferenciación de materiales nativos pertenecientes a la raza Chalco. En la segunda, los parámetros de diversidad genética indicaron bajo grado de diferenciación entre poblaciones. El análisis conjunto entre caracteres morfológicos y moleculares mostró la existencia de una baja diversidad entre materiales, concluyendo que aunque globalmente los materiales nativos están en constante evolución y adaptación al medio ambiente que los rodea, para el caso del sitio de estudio las poblaciones tuvieron mayor similitud genética con la raza Chalco.

INVESTIGACIONES SOBRE LA PRESENCIA DE TRANSGENES EN LA CIUDAD DE MÉXICO: EL CASO MAÍZ (*Zea mays* L.)

Gutiérrez-Chávez A S^{1,2}, Morales-Gómez M C^{1,2,3}, Fernández-López J^{1,2}, Muñoz-Moreno M L³, y Díaz-Badillo Á^{1,2,*}

¹Coordinación Académica, Universidad Autónoma de la Ciudad de México. ²Laboratorio de Diagnóstico Molecular de la Dirección General de la Comisión de Recursos Naturales de la Secretaría del Medio Ambiente del Gobierno del Distrito Federal. ³Departamento de Genética y Biología Molecular, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional. San Luis Tlaxialtemalco, Xochimilco D.F. 16610. alvaro@cinvestav.mx, ldmcorena@gmail.com

El Distrito Federal forma parte de la región central del Altiplano Mexicano, uno de los centros de origen y diversidad genética del maíz. En la capital del país cultivan 40 variedades de 6 razas de maíz. La producción nacional de maíz en México no cubre la demanda interna, importándose la diferencia de esta gramínea, primariamente desde Estados Unidos, el principal país productor de maíz transgénico. El maíz es una especie alógama, por ello la presencia de maíz transgénico colindante a un campo de maíz convencional, sin una polinización controlada, ocasiona la contaminación de la plantación no transgénica. Para la detección de transgénicos debe contarse con metodologías suficientemente sensibles, reproducibles, de corto tiempo y bajo costo, para permitir su uso confiable y de rutina. La detección de OGMs o sus derivados puede ser realizada detectando una molécula (ADN, ARN o proteína) que esté asociada específicamente o derivada de una modificación genética de interés. Los protocolos analíticos son muy sensibles, pueden detectar un evento o grupo de eventos en un cultivo en particular, pero ninguno puede detectar en un único ensayo todos los eventos, por eso no se puede asegurar que una muestra está libre de OGM, sólo se puede asegurar que está libre de los eventos para los cuales se hayan realizado los análisis pertinentes. El 95% de las variedades transgénicas aprobadas hasta hoy utilizan las mismas secuencias reguladoras procedentes del virus del mosaico de la coliflor (P35S y TNOS). El presente trabajo tuvo por objetivo estandarizar la metodología de detección de transgenes de maíz utilizando el método cuantitativo de PCR Multiplex en Tiempo Real; tras analizar 600 muestras de maíz del área metropolitana de la Ciudad de México no se detectó la presencia de las secuencias transgénicas P35S y TNOS. En conclusión, no se han detectado, hasta el momento, estas dos secuencias transgénicas en muestras colectadas en la Ciudad de México y su área conurbada (Estados de México y Morelos). Se recomienda continuar con el monitoreo, incorporando en el análisis semillas presentes en el mercado y brindar recomendaciones técnicas a fin de asegurar la sustentabilidad de los agroecosistemas en el DF. Proyecto Financiado por el INE-SEMARNAT.

REGULACIÓN EPIGENÉTICA DE GENES APOPTÓICOS EN LÍNEAS CELULARES DE ASTROCITOMA HUMANO

Solís-Paredes M, Eguía-Aguilar P, Chico-Ponce de León F¹, Sadowinski-Pine S, Perezpeña-Diazconti M y Arenas-Huertero F*

Laboratorio de Biología Molecular, Departamento de Patología. ¹Departamento de Neurocirugía. Hospital Infantil de México Federico Gómez. Dr. Márquez 162. Colonia Doctores. 01600. México, D. F. farenashuertero@yahoo.com.mx

Las alteraciones epigenéticas, conocidas como epimutaciones, participan desregulando la expresión de los genes. Estas epimutaciones son reversibles, y pueden corregirse con el uso de modificadores de la cromatina, como inhibidores de la metilación del DNA (Imet-DNA) y de desacetilasas de histonas (IHDACs). El presente trabajo evaluó el efecto de la 5-azacitidina (5-aza) y del butirato de sodio (BuNa) como Imet-DNA e IHDACs, respectivamente; en la expresión de genes que participan en la apoptosis. Se expusieron las líneas celulares D54-MG, U373-MG y T98G, a 8 mM de BuNa y 12 μ M de 5-aza y la combinación de ambos, durante 24 h. Se evaluó la expresión de los genes Bcl-2, Bak-1, Bax, Casp-9 y Casp-6 por RT-PCR. Los resultados mostraron que los genes de Bcl-2, Casp-6 y Casp-9 no los expresaron las líneas U373-MG y T98G; la línea D54-MG no expresó Bak-1. Posterior al tratamiento, estas líneas celulares expresaron todos estos genes debido al efecto de la 5-aza para Bak-1 en D54-MG y Casp-9 para T98G, lo que sugiere su represión por met-DNA. Finalmente, Bcl-2, Casp-6 y Casp-9 fueron expresados posterior al tratamiento con BuNa en las líneas U373-MG y T98G. Se indujo un aumento en la expresión por efecto de la 5-aza, para Bax y Bcl-2; y del BuNa, para los genes de Bak-1 y Bax; estos fueron mayores que los valores obtenidos en condiciones basales ($p < 0.05$). Los resultados revelan que la desacetilación de histonas es el principal mecanismo de represión de estos genes; y la expresión basal está regulada principalmente por desacetilación de histonas. Sus aplicaciones potenciales en clínica son evidentes para mejorar el tratamiento de los pacientes.

ANÁLISIS DEL DAÑO SOBRE EL ADN EN LINFOCITOS PERIFÉRICOS HUMANOS EXPUESTOS *IN VITRO* A METALES PESADOS ASOCIADOS A PM10 MEDIANTE EL ENSAYO COMETA

Calderón-Segura ME, García-Martínez R, Gómez-Arroyo S, Medina-Sánchez JD y Mendoza-Rivera IS*

Laboratorios de Toxicología Ambiental y Química Atmosférica. Centro de Ciencias de la Atmósfera de la UNAM. Ciudad Universitaria, Circuito Exterior S/N. Coyoacán 04510 México D.F. mcalderon@atmosfera.unam.mx

Los metales pesados tales como cadmio (Cd), aluminio (Al) y cobre (Cu), níquel (Ni) entre otros, se han identificado en el aire urbano de la zona de Ecatepec Estado de México y algunos se clasifican como carcinógenos humanos. En el presente estudio, se incubaron linfocitos periféricos humanos *in vitro* por 2 h a diferentes concentraciones de dos fracciones de metales pesados del periodo de húmedas del 2011 (F1 y F2). Los efectos genotóxico y citotóxico de cada fracción de metales pesados se evaluaron con el ensayo cometa alcalino y tinción de exclusión con azul tripano respectivamente. El daño al ADN se analizó mediante tres parámetros genotóxicos: la frecuencia de cometas, la longitud y el momento de la cauda. Las concentraciones de 0.23 a 1.86 mg/ml de las dos fracciones de metales pesados indujeron aumento significativo en los tres parámetros genotóxicos con relación al testigo (0.05 % ácido nítrico). La F1 y F2 mostraron genotoxicidad diferencial pero con una relación de concentración-efecto. La viabilidad de los linfocitos expuestos a F1 y F2 no fue modificada en comparación con los testigos, pero a concentraciones elevadas provocaron muerte celular por toxicidad. Los resultados de este estudio demuestran que el aire urbano de Ecatepec Estado de México en el periodo de húmedas produce daño en el ADN de linfocitos periféricos humanos *in vitro*.

MODULACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE GENES DE METABOLISMO DE XENOBIÓTICOS POR BIOTINA

Ronquillo-Sánchez MD, Camacho-Carranza R, Hernández-Ojeda SL
y Espinosa-Aguirre JJ*

Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México. CP 04510.
maronsmy@hotmail.com

La Biotina es una vitamina hidrosoluble que modula la expresión de diversos genes. Recientemente se ha propuesto como una posible alternativa en el tratamiento de hiperglicemia; por lo tanto, es necesario realizar pruebas toxicológicas con esta vitamina. Los Citocromos P450 (CYPs) son una familia de enzimas que se encargan del metabolismo de compuestos endógenos y exógenos denominados xenobióticos. La modificación de su expresión así como de su actividad es de gran relevancia biológica debido a las posibles consecuencias que ello pudiera ocasionar incluyendo algunas interacciones colaterales entre fármacos. El objetivo de este trabajo fue explorar la capacidad de biotina para modular la expresión de CYPs en un modelo *in vivo*. Con la excepción de CYP1B1 en células Jurkat, no hay datos respecto al efecto de esta vitamina sobre los CYPs. Se evaluó la capacidad de biotina para modular la expresión de enzimas involucradas en el metabolismo de varios procarcinógenos y fármacos de uso habitual como son: CYP1A1, CYP1B1, CYP1A2, CYP2E1 y CYP3A2 en hígado de animales tratados previamente con biotina. Ratas Wistar macho recibieron diariamente biotina (2 mg / kg, ip) por vía intraperitoneal y sacrificados después de 1, 3, 5 y 7 días de tratamiento, el grupo control fue tratado con solución salina. Se determinó la expresión del mRNA por PCR tiempo real, la proteína mediante western blot y la actividad enzimática por métodos fluorométricos. Nuestros resultados muestran que la administración de biotina vía ip. modificó la expresión de mRNA de CYP1A1, CYP1A2 y CYP1B1 después de 24 hrs de administración. Tanto la actividad como la concentración de proteína no fueron diferentes a las encontradas en controles, sugiriendo la posibilidad de una regulación post-transcripcional. Adicionalmente, la biotina no modificó la actividad de CYP1A1 hepático de animales tratados con benzo[a]pireno y β -naftoflavona tanto *in vivo* como *in vitro*. En conjunto estos resultados sugieren que la biotina no influye en el metabolismo de fármacos mediado por CYP450.

EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE LOS COMPUESTOS 5-AZACITIDINA Y 5-AZA-2'-DESOXICITIDINA MEDIANTE EL ENSAYO DE MICRONÚCLEOS EN LINFOCITOS DE SANGRE PERIFÉRICA HUMANA

Peraza-Vega RI, Ordaz-Téllez MG* y Rodríguez-Arnaiz R.

Laboratorio de Genética y Evolución. Departamento de Biología Celular. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional Autónoma de México. Av. Universidad 3000. Ciudad Universitaria 04510 México, D.F. ricardoivan@gmail.com

La 5-azacitidina (azacitidina) y la 5-aza-2'-desoxicitidina (decitabina) son compuestos análogos a la citidina ampliamente utilizados en el tratamiento contra la leucemia mieloide aguda (LMA) y crónica (LMC). Se trata de agentes capaces de incorporarse al ADN y evitar la metilación de genes relacionados con el desarrollo de LMA y LMC, esto es posible debido a que la azacitidina y la decitabina en su estructura molecular presentan un nitrógeno en lugar de un carbono en la posición 5 del anillo de la citosina. Al ser análogos a la citidina, la enzima metiltransferasa (DNMT) reconoce a estos compuestos como sustratos naturales e inicia la reacción de metilación, sin embargo, debido a la modificación en el anillo de pirimidina se forma una unión covalente entre el compuesto y la DNMT, la reacción de metilación se detiene. Se ha observado que la azacitidina y la decitabina, además de inhibir la metilación del ADN, presentan efectos genotóxicos y citotóxicos pudiendo generar rupturas cromosómicas e incluso interferir en la traducción del RNA y la síntesis de proteínas. En este trabajo se evaluó el efecto genotóxico de estos agentes mediante el ensayo de micronúcleos en linfocitos de sangre periférica humana. Se usaron tres concentraciones de decitabina ($0.006 \times 10^{-5}M$, $0.012 \times 10^{-5}M$ y $0.025 \times 10^{-5}M$), una sola concentración de azacitidina ($0.025 \times 10^{-5}M$), un control positivo tratado con MMC y un control negativo (agua). La sangre se obtuvo de cuatro donadores, dos hombres y dos mujeres de entre 20 y 25 años de edad. Los resultados fueron significativos con respecto al control negativo ($P < 0.05$). Se concluye, bajo las condiciones de este experimento, que ambos compuestos presentan un elevado potencial genotóxico.

EFFECTO DE LOS POLIMORFISMOS L55M y Q192R DEL GEN *PON1* SOBRE LA ACTIVIDAD PARAOXONASA 1 Y LOS LÍPIDOS SÉRICOS

Galarce-Sosa C¹, Flores-Alfaro E¹, Rojas-García AE², Huerta-Beristain G¹, Cruz-López M³ y Moreno-Godínez ME^{1*}

¹Unidad Académica de Ciencias Químico-Biológicas, Universidad Autónoma de Guerrero. Av. Lázaro Cárdenas s/n. Ciudad Universitaria, C.P. 39070, Chilpancingo, Gro. ²Dirección de Fortalecimiento de la Investigación, Universidad Autónoma de Nayarit, Tepic, Nayarit, C.P.63190, México. ³Unidad de Investigación Médica en Bioquímica. Hospital de Especialidades, Centro Médico Nacional Siglo XXI, IMSS. Av. Cuauhtemoc 330, Col. Doctores C.P. 06720, México D. F. emoreno20@hotmail.com

Las lipoproteínas de alta densidad (HDL) poseen propiedades anti-ateroescleróticas, inhibiendo la oxidación de las lipoproteínas de baja densidad (LDL) a través de la paraoxonasa 1 (PON1), enzima que hidroliza una amplia gama de sustratos *in vitro* mediante la actividad esterasa (PONasa), peroxidasa (AREasa). En este estudio evaluamos la asociación entre las actividades PONasa y AREasa, y los polimorfismos 55L>M (260T>A) y 192Q>R (672A>G) del gen *PON1* con dislipoproteinemias. Se realizó un estudio transversal en 348 mujeres de 30 a 65 años de edad, no relacionadas genéticamente, originarias y residentes del estado de Guerrero. Las mujeres fueron clasificadas con y sin dislipoproteinemias tipo HDL y LDL con una prevalencia de estas alteraciones de 88.5%. La actividad AREasa se determinó usando como sustrato al fenilacetato y la PONasa al 4-clorometil fenilacetato (CMPA), los polimorfismos se determinaron por PCR-TR utilizando el método TaqMan. Las frecuencias genotípicas del SNP 55L>M fueron de 73.1%, 25.4%, y 1.5% para el LL, LM y MM respectivamente, para el alelo L fue de 85.8%; para el SNP 192Q>R el genotipo QR fue el más frecuente (51.2%), seguido por el RR (31.8%), el 57.4% correspondió al alelo R, ambos SNPs se encontraron en equilibrio de Hardy-Weinberg en la población. No se encontró asociación significativa entre los SNPs con las dislipoproteinemias. Sin embargo, se observa un efecto del SNP 55L>M con los niveles altos de col-LDL en las portadoras del genotipo LL (120.8%) y (107.9%) para el genotipo LM en comparación con el genotipo MM (68.8%). Además observamos un efecto de los SNPs sobre la actividad AREasa, encontrando disminución significativa en las mujeres portadoras del genotipo MM (57.6 U/mL) en comparación con las del LL (103.7 U/mL) del SNP 55L>M; mientras que para el SNP 192Q>R esta actividad fue significativamente menor para el QQ (83.6 U/mL) en comparación con el RR (112.3 U/mL). La actividad de la PONasa se encontró significativamente elevada en mujeres con el genotipo LL del SNP 55L>M (17.9 U/mL), como también en las portadoras del genotipo RR del 192Q>R (18.6 U/mL).

EFICACIA DE CAPTURA DE HÍBRIDOS 2 COMO MÉTODO DE DETECCIÓN DE VPH-AR

Zacapala-Gomez A E, Alarcón-Romero L C, Flores-Alfaro E, Fernández-Tilapa G, Leyva-Vázquez M A, Zamudio-López N, Sales-Linares N y Illades-Aguiar B*

Laboratorio de Biomedicina Molecular y Citopatología de la Unidad Académica de Ciencias Químico Biológicas de la Universidad Autónoma de Guerrero. Av. Lázaro Cárdenas s/n, Cd. Universitaria Sur, Chilpancingo, Guerrero, México. *b.illadesaguiar@gmail.com

Actualmente se utiliza a la prueba de captura de híbridos 2 (hc2) para detectar al ADN de 13 VPH de alto riesgo (VPH-AR) (VPH 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 68). Sin embargo, una de sus limitaciones es que hc2 causa falsos positivos y falsos negativos. Por ello se planteo determinar la eficacia de hc2 para detectar a VPH-AR. Para demostrar lo anterior se incluyeron a 300 pacientes a las cuales se les tomo muestra de la zona de transformación para realizar: 1) hc2 para detectar VPH-AR, 2) PCR seguida de secuenciación para detectar al genotipo específico de VPH-AR, 3) Papanicolaou para detectar Lesión Escamosa Intraepitelial de Bajo Grado (LEIBG). Los resultados mostraron que por PCR el 32% y por hc2 el 12 % de las pacientes presentan infección por VPH-AR. Al comparar los resultados de hc2 con los de PCR se observa que hc2 presenta falsos positivos en el 28% de las muestras y los VPH que con mayor frecuencia lo causan son el VPH 6 (11%), VPH 53 (6%) y VPH 67 (6%), hc2 también presenta falsos negativos en un 40% y los VPH que con mayor frecuencia causan este efecto son el VPH 16 (23%), VPH 31 (11%) y VPH 58 (2%), lo descrito anteriormente se realizó considerando a las 300 pacientes incluidas en este estudio. Al dividir a la población en pacientes con LEIBG y sin LEIBG se obtuvo que hc2 en pacientes con LEIBG causa falsos positivos en un 30% (VPH 6, 53, 61, 62 y 67) y falsos negativos en un 26% (VPH 16, 18, 39, 58 y 59); en pacientes sin LEIBG se obtuvo a falsos positivos en un 31% (VPH 6, 53, 67, 84) y falsos negativos en un 34% (VPH 16, 18, 58). En conclusión la eficacia de hc2 es ligeramente mayor en pacientes con LEIBG en comparación con pacientes sin LEIBG, lo anterior es debido a que las pacientes con LEIBG presentan mayor carga viral en comparación con pacientes que no presentan LEIBG.

FLUJO GENÉTICO INTRAPOBLACIONAL DE *Platanus mexicana* MORIC. EN EL RÍO COLIPA, VERACRUZ

Galván-Hernández DM¹, Lozada-García JA^{2*} y Flores-Estévez N¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada. Campus para la Cultura, las Artes y el Deporte, Av. De las Culturas Veracruzanas No. 101 Col. Emiliano Zapata C.P. 91090. Xalapa, Veracruz. ²Laboratorio de Toxicología, Facultad de Biología Xalapa, Universidad Veracruzana, circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n Zona Universitaria, Xalapa, Veracruz. jalozadamx@yahoo.com

La variación genética de las poblaciones constituye una fuente de adaptación ante los cambios ambientales; a nivel intrapoblacional, se requiere que exista flujo genético entre los individuos para mantener homogénea esta variación, sin embargo, las barreras biogeográficas o incluso deficiencias en la polinización y dispersión de semillas hacen que este intercambio se interrumpa sobre todo en especies de amplia distribución. *Platanus mexicana* es una especie de distribución riparia continua por lo cual se espera que exista flujo genético intrapoblacional por ser una especie anemófila. Este estudio se realizó en el río Colipa dentro del cual se eligieron cuatro sitios de muestreo a 1700, 600, 200 y 70 msnm; en cada sitio se colectaron hojas de 30 individuos las cuales fueron transportadas al laboratorio para realizar la extracción y amplificación de ADN. Se emplearon 10 iniciadores ISSR cuyas bandas se analizaron con el programa TFPGA para calcular variación genética y flujo genético. La mayor cantidad de heterocigosis se encontró en el sitio a 1700 msnm (0.286), el porcentaje de polimorfismo fue mayor en los sitios intermedios (200 y 600 msnm, 88.57%). En cuanto al flujo genético, fue prácticamente nulo entre el sitio a 70 y 200 msnm ($N_m = 0.947$) y se mantuvo constante entre el resto de los sitios, siendo mayor entre los intermedios (200-600 msnm, $N_m = 1.916$). Este flujo es bajo, no lo suficiente para mantener homogénea la población, por lo que se presenta cierta estructura genética a nivel intrapoblacional mediado por otras fuerzas evolutivas causantes de estas diferencias.

IDENTIFICACIÓN DE ENZIMAS INVOLUCRADAS EN LA BIOACTIVACIÓN DE LA NICLOSAMIDA

Beristain-Castillo E, Hernández-Ojeda SL, Camacho-Carranza R y Espinosa-Aguirre JJ*

Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental. Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM. Apdo. Postal 70-228, 04510 México, D.F. gavely@hotmail.com

La niclosamida es un fármaco empleado mundialmente para controlar sobrepoblaciones de caracoles y lampreas además de ser un fármaco antihelmíntico. Hay evidencia obtenida tanto *in vivo* como *in vitro* que indica que la niclosamida posee actividad mutagénica. Diversos estudios sugieren que el efecto de la niclosamida podría estar mediado por enzimas del metabolismo de fase I. El interés del trabajo es identificar las posibles enzimas del metabolismo de fase I involucradas en la bioactivación de la niclosamida. Para lograr este objetivo: primero se determinaron las condiciones adecuadas para producir genotoxicidad por la niclosamida utilizando la prueba de Ames. También se realizó la identificación de los citocromos P450 implicados en la bioactivación niclosamida. Para ello se utilizaron fracciones S9 de ratas que fueron tratadas con inductores de los CYP (fenobarbital/ β -naftoflavona, benzo[a]pireno y ciclohexanol). Se realizó un ensayo de inhibición para corroborar el CYP involucrado en el metabolismo de niclosamida. Los resultados mostraron que las fracciones S9 de ratas tratadas con fenobarbital y benzo[a]pireno incrementaban de manera significativa el número de revertantes ($t_{32} = 3.184$, $p = 0.0032$), además que la mutagenicidad de la niclosamida fue reducida significativamente en presencia del inhibidor CYP1A ($z = 7.48$, $p < 0.001$). En segundo lugar, se llevaron a cabo pruebas de nitroreducción en el mismo sistema. Los resultados mostraron que en la cepa de *Salmonella* YG1021 generó un incremento en el número de revertantes en respuesta del tratamiento con niclosamida ($z = 13.93$, $p = 0.000$). Los resultados obtenidos indican que el efecto mutagénico producido por niclosamida es causado por un metabolito derivado de una nitroreducción seguido de una oxidación por CYP1A1.

CNG2012 046

BIOMONITOREO GENOTÓXICO EN AJOLOTES DE LA RANA *Lithobates montezumae* EN EL RÍO TULA, ESTADO DE HIDALGO, MÉXICO

Tovar-Pacheco C, Calderón-Segura ME, García-Martínez R y Gómez-Arroyo S*

Laboratorios de Toxicología Ambiental y Química Atmosférica. Centro de Ciencias de la Atmósfera de la UNAM. Ciudad Universitaria, Circuito Exterior S/N. Coyoacán 04510, México
D. F. camilo_p3@yahoo.com.mx

La contaminación ambiental es un problema de salud en México. Los anfibios son animales sensibles a cambios ambientales. *Lithobates montezumae*, es una especie endémica del país, pero las condiciones ecológicas originales han sido afectadas por las aguas residuales de la Ciudad de México, de la Refinería Miguel Hidalgo y la industria de la región. La población de esta especie está en la lista roja (UICN) y protegida por las leyes mexicanas bajo la "protección especial" categoría (Pr). El presente estudio evaluó el daño al DNA en hemocitos de ajolotes de *L. montezumae* de río de Tula mediante el ensayo cometa alcalino. El daño al ADN se evaluó la frecuencia de cometas y la longitud de la cauda. Paralelamente, se realizó un análisis químico del agua para hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAPs) y metales pesados en por HPLC y espectrofotometría de absorción atómica respectivamente. El análisis genotóxico en los hemocitos de, *L. montezumae*, muestran aumentos significativos en la frecuencia de cometas y en la longitud de sus caudas comparado con el grupo testigo. El estudio químico del agua muestra la presencia de diferentes metales que rebasan la NOM-001-ECOL-1996 como por ejemplo Hg .37 mg/L y Pb 2.38 mg/L, pero no de HAPs.

DETECCIÓN DE ADUCTOS-ADN EN LINFOCITOS DE SANGRE PERIFÉRICA HUMANA OCASIONADOS POR LOS INSECTICIDAS ORGANOFOSFORADOS GUSATIÓN, FOLIDOL Y FOLIMAT ACTIVADOS POR LA FRACCIÓN S10 DE *Vicia faba*

¹Sánchez-Estrada L¹, Gómez-Arroyo S* y ²Villalobos-Pietrini R

Laboratorios de ¹Genotoxicología y ²Mutagénesis Ambientales, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM. Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, México, D.F.
slga@atmosfera.unam.mx

Los plaguicidas son compuestos químicos de gran toxicidad y muy usados en la agricultura mexicana. Provocan efectos desfavorables sobre el ambiente y la salud, los cuales pueden tardar años en manifestarse. Son biológicamente activos y su empleo representa un grave problema para la salud humana, especialmente en el desarrollo de enfermedades como el cáncer. Tomado esto en cuenta se realizó un estudio del daño al ADN en linfocitos de sangre periférica humana, ocasionado por la exposición a los plaguicidas organofosforados gusatión, folidol y folimat. Se investigó la influencia del metabolismo vegetal de *Vicia faba* (mezcla S10) para biotransformar estos plaguicidas de promutagenos a mutágenos, utilizando como biomarcador la detección de aductos mediante el inmunoensayo de ELISA. Se extrajo la fase de linfocitos de sangre periférica humana. Se determinó la viabilidad celular por exclusión con azul tripano y se cuantificaron los linfocitos con una cámara de Neubauer. Se aislaron alícuotas por triplicado mediante la técnica de 1×10^6 linfocitos para realizar tratamientos directos e indirectos (S10 de *V. faba*). Se incubaron durante 4 horas con diferentes concentraciones de los 3 insecticidas (5, 10, 20, 40 y 60 $\mu\text{g}/100\mu\text{L}$), con los testigos negativos (medio RPMI Y DMSO) y positivo (etanol). Se aislaron 100 μL de ADN (técnica de fenol, cloroformo y alcohol isoamílico) por cada muestra de los linfocitos humanos tratados y no tratados con los insecticidas organofosforados, con y sin activación metabólica vegetal *in vivo* (S10 de *Vicia faba*), posteriormente se midieron los aductos ADN-insecticida por inmunoensayo de ELISA con el "kit 8-hydroxy-2-deoxy Guanosine". Se tomaron lecturas por triplicado a 409 nm en un lector de ELISA. Los datos obtenidos en cada tratamiento se evaluaron comparando estadísticamente mediante análisis de varianza, la prueba de comparación múltiple de Newman Keuls, una respuesta de concentración-efecto y un análisis de regresión lineal. Los resultados de la determinación de aductos, indican que existe incremento significativo ($p < 0.05$) de daño genotóxico con los tres plaguicidas, con respecto a los testigos y en relación al aumento de las concentraciones, incluyendo a los tratamientos con el metabolismo vegetal. Estos resultados permiten concluir que los insecticidas organofosforados gusatión, folidol y folimat tienen efecto directo formando aductos ADN-insecticida, pero también que la exposición a sus metabolitos secundarios aumenta significativamente la formación de los mismos lo cual representa un riesgo grave a la salud. Agradezco a CONACyT beca CVU 349508 y al Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM por el apoyo otorgado.

ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL Y FILOGEOGRAFÍA DEL TIBURÓN MARTILLO *Sphyrna zygaena* EN EL OCÉANO PACÍFICO ORIENTAL

Bolaño-Martínez N, Díaz Jaimes P* y Uribe-Alcocer M

Posgrado de ciencias del Mar y Limnología. Universidad Nacional Autónoma de México, D.F.
sphyrnazygaena@gmail.com, pindaro@cmarl.unam.mx, muribe@cmarl.unam.mx

El tiburón *Sphyrna zygaena* presenta una distribución anfitemperada en todos los océanos. En el Océano Pacífico Oriental (OPO) la distribución de la especie presenta la discontinuidad desde la región sur del Pacífico mexicano hasta Panamá, las causas de esta distribución y de la existencia aparente de dos poblaciones, una al norte y otra al sur se desconocen, pero probablemente podría estar relacionada con una barrera oceanográfica. El estudio tiene como objetivo: evaluar la estructura genética poblacional de *S. zygaena* a lo largo de su distribución en el OPO y el nivel de variabilidad genética, empleando marcadores moleculares (Región control del DNAm y DNA nuclear) y definir si esta corresponde a algún patrón filogeográfico. Se tienen muestras de diferentes puntos de desembarque en las zonas del OPO; se realizó la extracción del DNA; la amplificación de las regiones D-loop y microsátelites, con la reacción en cadena de la polimerasa, empleando los primers internos SPHY_F Y SPHY_R, para la región D-loop y amplificados en geles de agarosa al 1% y los primer reportados por Nice *et al.* (2009) para los microsátelites; obtenidos los productos, se secuencian. Las secuencias se revisan y editan en el programa Bioedit. Se realizaron análisis de la diversidad genética, diversidad nucleotídica y haplotípica en el programa Arlequin 2.0 y el análisis de variancia (AMOVA) para examinar la variabilidad genética en diferentes niveles jerárquicos en ambos marcadores moleculares empleados en el estudio con los estadísticos F (Fst, Fsc y Fct). Se estimará el tamaño efectivo de la población con métodos de máxima verosimilitud y coalescencia de acuerdo a los resultados de los análisis genéticos. Se cuenta con 375 muestras de tejido del tiburón, de las cuales se han obtenido 145 secuencias de 690 pb, en el análisis de estas secuencias se han detectado 11 haplotipos, dos en la zona norte y nueve en la zona sur, con haplotipos exclusivos de la región sur. Los estadísticos Fst: 0.73, Fsc: -0.10 y Fct: 0.76 indican que las dos aparentes poblaciones se encuentran separadas genéticamente, donde el flujo génico entre organismos es prácticamente nulo, sugiriendo estructuración poblacional.

DETERMINACIÓN DE LA DURACIÓN DEL CICLO DE VIDA DE *Megaselia scalaris* (PHORIDAE: DÍPTERA)

Cristino-García AR y Ramos-Morales P*

Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental. Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. Av. Universidad 3000. Ciudad Universitaria, México, D. F. 04510
abril.cristino@ciencias.unam.mx

Megaselia scalaris comúnmente conocida como mosca jorobada o mosca de ataúdes, es un insecto que ha sido utilizado como modelo biológico en el estudio de la evolución de los cromosomas sexuales, así como en Genética forense. También se ha intentado utilizarlo como modelo en otras áreas de la genética, de igual forma en que ha sido empleada *Drosophila melanogaster*, para lo cual es necesario conocer más sobre su biología. En este trabajo se determinó la duración de su ciclo de vida bajo condiciones de laboratorio, la viabilidad de cada fase del ciclo de vida, así como su fertilidad y fecundidad. Para determinar su ciclo de vida se utilizaron frascos de acrílico (6 por experimento). Se colocaron 15 parejas por frasco y después de 10 h se contó el número de huevos por frasco y se dejó continuar el desarrollo hasta obtener larvas de tercer estadio. Posteriormente se seleccionaron 3 frascos al azar para el conteo de larvas, las cuales una vez contadas se desecharon. Las larvas de los frascos restantes continuaron con su desarrollo para determinar el número de pupas y adultos. Emergidos los adultos se determinó el tiempo de maduración de hembras y machos, así como la proporción de sexos. Los resultados muestran que el ciclo de vida de *Megaselia scalaris* es más largo que el de *Drosophila melanogaster*, teniendo una duración de 20 ± 2 días, en un rango de temperaturas de 25 a 27°C. La viabilidad huevo - adulto es del 60 %. Los machos emergen 2 días antes que las hembras y ambos sexos alcanzan la madurez sexual transcurridas 48 h de la eclosión de las hembras. La fertilidad fue cercana al 100 %. La proporción de hembras y machos parece fluctuar a lo largo del año. *Megaselia* ofrece una posibilidad adicional en el campo de la mutagénesis ya que es un organismo que se ha adaptado a condiciones de laboratorio y al cultivo en diferentes sustratos. Agradecimientos: al Banco de Moscas, a B. Hernández; al Taller ITGyA de Biología.

EFFECTO DE LA RUTA DE ADMINISTRACIÓN DEL CROMO (VI) EN ESTUDIOS A CORTO Y LARGO PLAZO SOBRE LA GENOTOXICIDAD EMPLEANDO EL ENSAYO DE MICRONÚCLEOS EN SANGRE PERIFÉRICA DE RATÓN

García-Rodríguez MC*, Montañó-Rodríguez AR y Altamirano-Lozano MA

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN). Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, UNAM. México D.F. *carmen.garcia@unam.mx

El Instituto Nacional de Seguridad y Salud Ocupacional (NIOSH), la Agencia de Protección Ambiental (US-EPA) y la Agencia Internacional para la Investigación del Cáncer (IARC), han clasificado a los compuestos de Cr (VI) como potentes carcinógenos humanos. Aunque el Cr (VI) presenta una baja actividad biológica, en concentraciones altas es capaz de atravesar la membrana celular y reducirse a Cr (III) produciendo radicales libres que pueden inducir daño al ADN. De ahí que, se ha recomendado realizar estudios en modelos animales para evaluar el daño genotóxico del cromo (VI) tanto por vía oral, como por vía intraperitoneal (i.p.). En este trabajo se estudiaron los efectos de la ruta de administración del Cr (VI) empleando protocolos a corto y largo plazo sobre la genotoxicidad en ratones de la cepa CD-1. Grupos de cinco ratones fueron tratados con CrO₃ por vía oral (1 µM *ad libitum* [largo-plazo] y 20mg/kg intragastricamente [corto-plazo]) y por vía i.p. (20 mg/kg [corto plazo]). La genotoxicidad fue evaluada mediante el ensayo de micronúcleos (MN) en sangre periférica, empleando la técnica de naranja de acridina. Los resultados muestran un incremento en la frecuencia de MN que resultó estadísticamente significativa en el grupo tratado por vía i.p. con CrO₃ en comparación con el grupo testigo, lo que corrobora el daño genotóxico del Cr (VI) *in vivo*. Sin embargo, la administración de las mismas dosis de CrO₃ por vía oral [corto y largo plazo] no incrementaron de forma estadísticamente significativa las frecuencias de MN, lo que sugiere que la vía de administración del CrO₃ juega un papel importante sobre la genotoxicidad de los compuestos de Cr (VI). Esto se debe probablemente a la reducción del Cr (VI) por las enzimas salivales y jugos gástricos, así como por su poca absorción intestinal y la ruta metabólica *in vivo*. El hecho de que el CrO₃ no haya inducido daño genotóxico por vía oral en nuestro estudio resulta de especial importancia ya que la principal vía de exposición al Cr (VI) es mediante la ingestión de agua potable y de bebidas o alimentos contaminados. Proyecto financiado por UNAM, PAPIIT-IN217712.

INTERCAMBIO DE CROMÁTIDAS HERMANAS E ÍNDICE DE REPLICACIÓN COMO RESPUESTA AL TRATAMIENTO CICLOFOSFAMIDA-ADRIAMICINA EN PACIENTES CON CÁNCER DE MAMA

Garibay-García J¹, Castillo-Cadena J*¹, Cabrera-Galeana PA² y Sánchez.Meza JC¹

Facultad de Química, Universidad Autónoma del Estado de México, Paseo Colón esq. Paseo Tollocan. C. P. 50120. Toluca, México¹, Centro Oncológico Estatal del ISSEMyM Av. Solidaridad las Torres, esq. Prolongación Benito Juárez no. 101. Col. Del parque CP: 50180²
jcastillo_cadena@hotmail.com

Entre las terapias más utilizadas para tratar el cáncer de mama está la de Ciclofosfamida-Adriamicina. Sin embargo la respuesta al tratamiento es incierta y se evalúa hasta el final de 4 o más ciclos del mismo. Los Intercambios de Cromátidas Hermanas (ICH) se consideran un biomarcador sensible para determinar los efectos mutagénicos de xenobióticos. El Índice de Replicación (IR) nos indica la velocidad de replicación. El objetivo de este estudio fue determinar si los ICH e IR pueden ser indicadores tempranos de la respuesta al tratamiento en el cáncer de mama. Se adecuó el procedimiento para el cultivo de linfocitos después de la quimioterapia encontrando que las mejores condiciones fueron: duración del cultivo de 96 horas, adición de BrdU a las 24 y 3 horas de colchicina. Se invitó a pacientes del Centro Oncológico Estatal del ISSEMyM de Toluca con cáncer de mama, vírgenes al tratamiento. Quienes voluntariamente aceptaron, firmaron una carta de consentimiento informado y proporcionaron datos generales. El tratamiento administrado fue Ciclofosfamida-Adriamicina. Se les tomó una muestra de sangre periférica antes e inmediatamente después de la primera quimioterapia. Se hicieron cultivos de linfocitos según las condiciones antes mencionadas. Se realizó la tinción diferencial según Perry/Wolff modificada. Se hizo el análisis a ciegas. Se han tomado 16 muestras, de las cuales se ha hecho el análisis completo de 8. Se determinó el promedio de ICH/célula en 30 metafases y el IR en 100 metafases, también se realizó el Índice de Proliferación Celular (IPC) e Índice Mitótico (IM). Se compararon los resultados antes vs. después de la quimioterapia con la prueba. Se contabilizó la cantidad de núcleos necróticos y apoptóticos. Los ICH después del tratamiento aumentaron de 2 a 6 veces que antes del mismo (2.92 en promedio), mientras que el IR disminuyó de 1 a 12 veces (1.37 en promedio). El IPC e IM bajaron después de la quimioterapia y el Tiempo de Generación Promedio aumentó. Los resultados indican que el tratamiento de Ciclofosfamida-Adriamicina está teniendo el efecto esperado afectando el ADN del linfocito y posiblemente a las células del resto del organismo, incluyendo las cancerosas.

FACTORES DE RIESGO DE ENFERMEDAD CARDIOVASCULAR SE MODIFICAN POR SNPs EN EL GEN *ESR1*

Cahua-Pablo JA, Uriostegui-Basilio AK, Méndez-Palacios A, Alarcón-Romero LC, Vences-Velázquez A, Leyva-Vázquez MA y Flores-Alfaro E*

Laboratorio de Enfermedades Crónico Degenerativas. Unidad Académica de Ciencias Químico-Biológicas, Universidad Autónoma de Guerrero. Av. Lázaro Cárdenas s/n, Ciudad Universitaria, Chilpancingo, Gro. efloresa_2@hotmail.com

Los estrógenos actúan unidos a sus receptores (RE) en la regulación de la transcripción de genes de diversas vías metabólicas que participan, entre otras, en la vasodilatación endotelial y en el metabolismo de lípidos y lipoproteínas. En modelos animales con isquemia cardiaca se reportó que la activación del RE-1 reduce el tamaño del infarto, la apoptosis, la inflamación, el estrés oxidativo, induce vasodilatación e incrementa la neovascularización. Estudios en diversas poblaciones proponen que la variación en el gen del receptor a estrógenos-1 (*ESR1*) se asocia con enfermedades cardiovasculares (ECV) o con fenotipos ligados a esta. Nuestro estudio tuvo el propósito de evaluar la asociación de los SNPs rs2234693 (-397T>C), rs9340799 (-351A>G) y rs1801132 (975C>G) en el gen *ESR1* con el índice de riesgo cardiovascular, síndrome metabólico (SM) o sus componentes, en 348 mujeres de 30 a 65 años de edad, sin parentesco entre ellas y de origen guerrerense. Se obtuvo información personal, se realizaron mediciones somatométricas y concentraciones de glucosa, triglicéridos, colesterol, col-HDL y col-LDL. La genotipificación de los SNPs se realizó por PCR/RFLP's y PCR-TR. El promedio del índice de riesgo de ECV fue de 15.8 y la frecuencia de SM de 32.5%. Las frecuencias del alelo menor de los SNPs fueron: 29% para el -397T>C, 36% para el -351A>G y 40% para el 975C>G. Las mujeres portadoras del genotipo AG o GG del SNP-351A>G tuvieron menor riesgo de tener SM en comparación con las del AA (OR=0.52; p=0.023); por otra parte, las portadoras del CG o GG del SNP 975C>G tuvieron un incremento significativo en las concentraciones de la lipoproteína aterogénica (LDL \geq 130mg/dl) en comparación con las portadoras del genotipo CC (OR=2.7; p<0.001), esta asociación se encontró significativa con el haplotipo **T**_{-397T>C}**G**_{-351A>G}**G**_{975C>G} (OR=4.2; p=0.002). Concluimos que la variación genética del *ESR1* puede modificar el riesgo de ECV.

**DESCRIPCIÓN DEL CARIOTIPO DE *Chirostoma humboldtianum*
(Valenciennes) Atheriniformes: Atherinopsidae**

¹Urbina SI, ²De Luna-Meza LF, ¹Figueroa LG, ³Paniagua CCG, ¹Fierro PRC y
^{1*}Barriga-Sosa IDLA

¹Universidad Autónoma Metropolitana. Unidad Iztapalapa. ²Universidad Autónoma de Aguascalientes. Centro de Ciencias Agropecuarias. ³Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada. ibs@xanum.uam.mx

Chirostoma humboldtianum es un pez de agua dulce al que se le conoce con el nombre común de "charal de Xochimilco", es la primera especie íctica descrita en México. Es una especie con un alto valor económico y sociocultural, que en la actualidad se encuentra amenazada por la reducción de sus poblaciones y la degradación de sus hábitats y ha sido extirpada de la cuenca de México. El objetivo del presente trabajo es profundizar en el conocimiento de la biología básica de la especie, en particular describir el cariotipo de *C. humboldtianum* de la localidad de Tiacaque, Estado de México con el fin de conocer el estado actual y la dinámica de esta especie para llevar a cabo el uso racional y conservación de este recurso. Para esto se recolectaron doce individuos, seis hembras y seis machos de los cuales se obtuvieron los cromosomas de branquias e hígado con base en la técnica propuesta por Denton (1973). Los cromosomas se tiñeron convencionalmente empleando colorante de Giemsa y se analizaron 40 mitosis por individuo para obtener el número modal y determinar así el número cromosómico de esta especie. Posteriormente se elaboró el cariotipo. La especie tuvo un $2n=48$, $NF=58$, con los pares 3 y 4 metacéntricos, el 1 y 5 submetacéntricos, el 2 subtelocéntrico y los pares del 6 al 24 telocéntricos. Al comparar estos resultados con los obtenidos para *C. estor*, con $2n=48$ y $NF=68$, *C. jordani* con $2n=48$ y $NF=68$, *C. patzcuaro* con $2n=44$ y $NF=44$, *C. attenuatum* y *C. grandocule* con $2n=48$, se confirma que existe variación cromosómica interespecífica en el género *Chirostoma*.

KARYOTYPE CHARACTERIZATION OF EIGHT MEXICAN SPECIES OF *Eleocharis* (CYPERACEAE)

Tena-Flores JA^{1*}, González-Elizondo MS¹, Herrera-Arrieta Y¹, Almaraz-Abarca N¹, Mayek-Pérez N², Da Silva CRM³, and Vanzela ALL³

¹CIIDIR Durango, Instituto Politécnico Nacional, Sigma 119 Fracc. 20 de Noviembre II, 34220, Durango, Dgo., México. ²Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Blvd. del Maestro s/n esq. Elías Piña, Col. Narciso Mendoza, CP 88710, Reynosa, Tamaulipas, México. ³Laboratório de Biodiversidade e Restauração de Ecossistemas, Departamento de Biologia Geral, CCB, Universidade Estadual de Londrina, 86051-970, Londrina, PR, Brazil. jorge@tena-flores.com

Chromosomes of Mexican sedges are almost entirely unknown. Chromosome numbers have been reported for *Carex* and *Fimbristylis*. A considerable variation in the chromosome number in Cyperaceae has been recorded, from $2n = 4$ for *Rhynchospora tenuis* to $2n = 216$ for *Eleocharis dulcis*. Yet, most members of the family (about 84%) remain cytologically unexplored. The aim of this study was to contribute to the knowledge of Mexican *Eleocharis*. Forty-nine samples representing eight species of *Eleocharis* were collected in 35 different localities of north-central Mexico, most of them in the state of Durango. The root tips were pre-treated in 2mM 8-hydroxyquinoline for 24 h, fixed in ethanol: acetic acid (3:1, v:v) for 24 h, and stored at -20°C or immediately used. The root tips were softened in 4% cellulase + 40% pectinase at 37°C for 1 h, hydrolyzed in 1M HCl for 10 min at 60°C , and squashed in a drop of 45% acetic acid. Slides were stained in 4% hematoxylin and mounted with Entellan (Merck). Chromosome numbers for *Eleocharis densa*, *E. reznicekii*, and *E. rostellata* are reported for the first time and new numbers are reported for *E. macrostachya*, *E. xyridiformis*, and the *E. montevidensis* complex. Numbers range from $2n = 10$ to $2n = 60$. Dysploidy is the most common mechanism of karyotype variation, which has been detected in four species (*E. densa*, *E. macrostachya*, *E. reznicekii*, and *E. xyridiformis*). Two species are diploid (*Eleocharis parishii* and *E. cf. montevidensis*) and three are polyploid (*E. acicularis*, *E. montevidensis*, and *E. rostellata*). Except for specimens of *E. montevidensis* complex, no intraspecific variation in chromosome number was found. However, differences in the chromosome sizes were found among populations of that complex and in *E. rostellata*. Mean lengths of diploid set ranged from 12.96 in *E. montevidensis* to 178.25 μm in *E. rostellata* and the average of chromosomes sizes varied from 0.97 in *E. montevidensis* to 6.01 μm in *E. xyridiformis*. These two taxa presented an extreme interchromosomal asymmetry A_2 : 0.12 and 0.43. Absence of primary constrictions was confirmed. Taxonomical implications of the karyological data are discussed.

PITTING GROWTH MODEL IN BURIED PIPELINES USING GENETIC ALGORITHMS

González-Islas JC¹, Bolaños-Rodríguez E² and Ramírez-Ortega PA¹

¹UTEC Tulancingo. Camino a Ahuehuetitla 301, 43642, Hgo. México. Tel & Fax: (+52 775) 755 8210. ²Escuela Superior de Tizayuca, (UAEH), 43800, Tizayuca, Hgo. México. Tel & Fax: (+52 771) 71 72000. juanc.gonzalez@utec-tgo.edu.mx, bola7112@yahoo.com.mx, pedro.ramirez@utec-tgo.edu.mx

In this research we model the evolution of growth of pits in steel pipelines buried API X-70 natural gas carriers. In building the model using the Genetic Algorithms (GAs), considering variables, such as soil characteristics, operating times of the pipe, and the type of coating. It is important to have intelligent computational tools for determining the performance of materials, which also considered methods of easy application, precise and fast. GAs is based on the genetic process of living organisms. It is capable of creating solutions to real world problems. The duct is in operation since 1981 and it has a length of 100 Km, which is covered with coal tar, catholically, whose outer diameter 355.6 mm and a wall thickness of 9.52 mm is using the information obtained through inspection in-line made at the years 2006 and 2011. The data used in this study were obtained from 300 samples, representative of the inspected pipe sections. At each site we measured the maximum pit depth. We also measured soil properties such as redox potential, pH, soil-pipe potential, resistivity, moisture content, bulk density and ion content. GAs is applied, which allows you to search for global maximum depth of the pit and compared the results with the deterministic model created by Romanoff. The model obtained for the growth of pit depth with GAs no statistically significant difference with the results obtained with the deterministic model of Romanoff and is shown as a nonlinear combination of variables involved.

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE LA POBLACIÓN BACTERIANA EN EL RUMEN DE VACAS LECHERAS SUPLEMENTADAS CON MONENSINA Y/O SEBO

Castillo-González AR, Burrola-Barraza E*, Domínguez-Viveros J y González-Rodríguez E

¹Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua. Francisco R. Almada Km.1 33820 Chihuahua, Chihuahua, México. mburrola1@uach.mx

Debido a que los bovinos tienen una significativa contribución en la producción de gas metano arrojado al medio ambiente. La dieta de estos animales es fundamental para generar, dentro del rumen, las bacterias precisas para realizar los procesos fermentativos que generan el gas metano. Los aditivos en la dieta, provocan un cambio genético en las poblaciones bacterianas, promoviendo mejor asimilación de los nutrientes y una disminución en la emisión de metano liberado. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de los aditivos monensina y/o sebo presentes en la dieta, sobre el perfil filogenético de las poblaciones bacterianas en bovinos lecheros en producción. Cuatro vacas Holstein en lactancia temprana, fueron alimentadas con la dieta control (Forraje:Concentrado 40:60); control más monensina (3.3 g/d, M); control más sebo (3.0%, S) y control más monensina y sebo (3.3 g/d, 3.0%, M+S). Las vacas se alimentaron dos veces al día (0800 y 1500 h). El diseño experimental fue un cuadro latino 4x4, del día 1 al 12 fue el periodo de adaptación, mientras que, las muestras de líquido ruminal se recolectaron del día 13 al 15. De cada muestra se obtuvo DNA bacteriano que se amplificó con oligonucleótidos específicos para el DNAr16S. Los amplicones fueron separados según su contenido de C y G mediante DGGE, finalmente se realizó un análisis filogenético de las comunidades bacterianas utilizando Gel Compar II de BioNumerics. A causa de las condiciones generadas por la presencia de los aditivos en el rumen, se generaron 2 grupos de poblaciones bacterianas, los cuales se subdividieron en dos familias cada uno. El sebo resultó ser el aditivo que generó menores cambios en las poblaciones bacterianas, ya que se encontró agrupado con la dieta control, mientras que, la dieta adicionada con monensina generó agrupaciones con las poblaciones obtenidas de la dieta donde se suplementó a la vez con monensina y sebo. Estos resultados indican que el aditivo sebo genera pocos cambios en las poblaciones bacterianas, lo que sugiere que la monensina es un aditivo que podría promover un cambio poblacional más dinámico, cuyo impacto estaría relacionado con las concentraciones de gas metano producido.

PRESENCIA DE UN GEN *luxS* EN EL GENOMA DE *Gallibacterium anatis*

Jiménez Ortega RF^{1*}, Martínez González KK¹, Vaca S¹, Vázquez C²
y Negrete Abascal E¹

¹Carrera de Biología, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México; ²Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, BUAP, México.
*frankunam_1@hotmail.com

La formación de biofilms es una estrategia que diversos microorganismos emplean como una forma de supervivencia, éstos les confieren resistencia a efectos ambientales adversos. La formación de biofilms está mediada por quórum sensing, en el que un microorganismo responde a moléculas propias de respuesta llamadas autoinductoras (AI). *Gallibacterium anatis* es un microorganismo asociado a enfermedades de vías respiratorias y del aparato reproductor de diversas aves, incluidas las gallinas. En este trabajo se evaluó el efecto de Epinefrina (Epi) y Norepinefrina (NE), (moléculas que puede funcionar como compuestos similares a los AI, pero son producidas por mamíferos; y median la expresión de factores de virulencia en diversos patógenos), sobre la expresión de proteínas en *G. anatis*. También se determinó la presencia de un gen *luxS* en el genoma de esta bacteria. Dicho gen es el responsable de la síntesis de AI, la adición de EPI y NE incrementó el crecimiento de *G. anatis* variedad hemolítica; pero no en la variedad no hemolítica, con respecto a cultivos a los que no se les agregó ninguna de estas moléculas. En ambas variedades de *G. anatis* se incrementó la formación de biofilm, la adición de NE o de Epi indujo la expresión de 3 proteínas de aproximadamente 49, 55 y 70 kDa y la sobre expresión de una proteína de 51 kDa, en la variedad hemolítica; y en la cepa no hemolítica, se sobre expresaron proteínas de 55, 67, 70 y 150 kDa. La expresión de dos proteínas de 200 y 250 kDa fue reprimida en presencia de NE, pero no de Epi en la variedad no hemolítica. La amplificación por PCR de *luxS* por en el genoma de *G. anatis* originó un producto de 645 pb, el cual al ser secuenciado y analizado por Blast indicó una similitud del 96% con un gen que codifica para una fosforibosil glicinamida formil transferasa localizada en el genoma de *G. anatis* UMN179 (Acceso CP002667.1), indicando con esto que *G. anatis* es capaz de producir un AI y que probablemente éste participa en la formación de biofilms. Agradecimientos: Proyecto PAPIIT IN216010 y PAPCA-FESI-UNAM.

EVALUACIÓN DE LA PRESENCIA DE COMPUESTOS GENOTÓXICOS EN SISTEMAS ACUÁTICOS UTILIZANDO EL ENSAYO COMETA

Sobrino-Figueroa AS

Laboratorio Alejandro Villalobos. Departamento de Hidrobiología. Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco No. 186 Col. Vicentina, Iztapalapa, México, D.F. C.P. 09340. coco@xanum.uam.mx

La técnica de electroforesis unicelular (ensayo del cometa) consiste en la evaluación de la integridad del material genético de una muestra de células, en la cual la cauda del cometa está constituida por el material genético dañado. En este estudio se evaluó la integridad del ADN en los tejidos de 2 organismos de prueba *Artemia franciscana* y *Daphnia magna* expuestos a sedimentos, para detectar cualitativamente la presencia de sustancias genotóxicas en 4 sistemas acuáticos (2 salobres: Laguna de Mandinga y Yucateco y 2 de aguadulce: Laguna de Pátzcuaro y Metztitlán), para valorar el uso de este biomarcador como una herramienta confiable en estudios de biomonitorio. Se tomaron 10 organismos los cuales se disgregaron, el grado de daño en el ADN se determinó evaluando la proporción de células con y sin daño y la longitud de los cometas. Se analizaron entre 5 a 10 organismos (*Artemia* ó *Daphnia*) por sistema en épocas del año contrastantes (secas y lluvias). Se observaron diferencias evidentes ($p < 0.01$) en cuanto al número y el grado de daño entre los organismos expuestos a las muestras de cada sistema y las épocas del año examinadas. En las lagunas salobres, el grado de daño genético fue: Yucateco > Mandinga, siendo la estación de lluvias donde se detectó el mayor efecto deletéreo. En los sistemas de aguadulce, se observó que los organismos recolectados en secas presentaron el mayor número de células con daño y el mayor tamaño de las caudas, en comparación con los obtenidos en lluvias. Los resultados anteriores concuerdan con las concentraciones de contaminantes registrados en los sitios y épocas del año en las que se realizaron los bioensayos. De lo anterior es evidente que este biomarcador es una buena herramienta en los estudios de diagnóstico ambiental.

CNG2012 059

EVALUACIÓN DEL EFECTO TÓXICO Y GENOTÓXICO DE SEDIMENTOS DE LA ENSENADA DE LA PAZ, B.C.S., MÉXICO

Sobrino-Figueroa AS¹ y Cáceres-Martínez C²

¹Laboratorio de Alejandro Villalobos. Departamento de Hidrobiología. Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco No. 186 Col. Vicentina, México, D.F. C.P. 09340. ²Laboratorio de cultivo de moluscos UABCS, Unidad Pichiliñgue Carretera a Pichilingue Km 18. La Paz, B.C.S. México. coco@xanum.uam.mx

En este trabajo se realizó una evaluación cualitativa de los efectos tóxicos y genotóxicos de sedimentos colectados en 8 localidades localizadas en la Ensenada de la Paz, B.C.S., en dos épocas contrastantes del año (verano e invierno), utilizando una batería de pruebas biológicas con organismos de diferentes niveles tróficos y el microensayo SOS-Chromotest. Se detectaron compuestos con efectos tóxicos y genotóxicos en 5 localidades, situadas en el Canal de la Paz, cercana a la termoeléctrica, instalaciones de PEMEX y la Marina. Los valores de CL_{50} y de genotoxicidad observados, indican presencia de compuestos tóxicos en los sitios cercanos a Punta Prieta y CICIMAR, la toxicidad de los sedimentos va disminuyendo conforme aumenta la distancia a estos puntos. Este hecho posiblemente indica un aporte de compuestos nocivos procedentes probablemente de Punta Prieta y la Ensenada de La Paz, a la Bahía de la Paz. La utilidad de este tipo de análisis es fundamental para detectar zonas de riesgo en los estudios de diagnóstico ambiental.

INTEGRIDAD DEL ADN EN LA ALMEJA *Argopecten ventricosus* COMO BIOMARCADOR DE CONDICIONES AMBIENTALES

Sobrino-Figueroa AS¹ y Cáceres-Martínez C²

¹Laboratorio de Alejandro Villalobos. Departamento de Hidrobiología. Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco No. 186 Col. Vicentina, México, D.F. C.P. 09340. ²Laboratorio de cultivo de moluscos UABCS, Unidad Pichilingue Carretera a Pichilingue Km 18. La Paz, B.C.S. México. coco@xanum.uam.mx

En este estudio se realizó una determinación de la integridad del ADN en el tejido de branquia de juveniles de almeja catarina, procedentes del vivero de cultivo de la UABCS, aledaño al puerto de Pichilingue B.C.S. y de jaulas de cultivo ubicadas en el CICIMAR, para detectar la presencia de sustancias genotóxicas, además de evaluar el uso de este biomarcador como una herramienta confiable en estudios de biomonitorio ambiental. Se tomaron muestras de tejido de la branquia de almeja; el grado de daño en el ADN se determinó por medio de la técnica de electroforesis unicelular (ensayo cometa). Se evaluó la proporción de células con y sin daño y la longitud de los cometas de una muestra de 100 células por organismo. Se analizaron entre 15 a 10 especímenes por cada época del año muestreada (verano e invierno) durante 3 años. Los resultados del análisis de integridad genética indicaron que existen diferencias significativas en cuanto el número de células con daño y el grado de lesión de las células, siendo los organismos recolectados en verano los que presentaron el mayor número de células con daño (31%) y el mayor tamaño de las caudas (91.4 μm), en comparación con los obtenidos en invierno (15.8% y 32 μm). Los resultados anteriores concuerdan con los niveles de contaminantes registrados en el sitio donde se colectaron las almejas, ya que las concentraciones más elevadas de metales pesados se registraron en verano. De lo anterior es evidente que este biomarcador es una buena herramienta en los estudios de diagnóstico ambiental.

EFFECTO GENOTÓXICO DEL CADMIO, CROMO, PLOMO Y SU MEZCLA EN JUVENILES DE LA ALMEJA CATARINA *Argopecten ventricosus* (SOWERBY, 1842)

Sobrino-Figueroa AS¹ y Cáceres-Martínez C²

¹Laboratorio de Alejandro Villalobos. Departamento de Hidrobiología. Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco No. 186 Col. Vicentina, México, D.F. C.P. 09340. ²Laboratorio de cultivo de moluscos UABCS, Unidad Pichilingue Carretera a Pichilingue Km 18. La Paz, B.C.S. Mexico. coco@xanum.uam.mx

Los metales cadmio, el cromo y el plomo se encuentran en concentraciones elevadas en los sistemas costeros del Pacífico mexicano. Debido al hecho de que no existen antecedentes sobre los efectos de estos compuestos en los juveniles de *Argopecten ventricosus* y siendo estos organismos de importancia económica, en este estudio se realizó una evaluación de los daños genotóxicos causados por la exposición a estos xenobióticos. Bioensayos estáticos se llevaron a cabo con 90 almejas jóvenes ($3 \pm 0,5$ mm de longitud) expuestas a CL₄₀(concentración letal 40) (0.35, 5.0, 3.0 y 0.6 mg/L de Cd, Cr, Pb y su mezcla, respectivamente), durante 96 horas. Posteriormente se tomaron muestras de tejido de branquia y de glándula digestiva de 10 organismos por tratamiento, para evaluar el grado de daño genético por medio de la técnica del ensayo cometa. Se observó que existen diferencias evidentes en cuanto al número y el grado de daño de las células, pertenecientes a los diferentes tratamientos ($t = 3.87$; $p < 0.05$) en comparación con el testigo. El metal con mayor efecto genotóxico detectado en estas pruebas fue el cadmio, seguido por la mezcla de los tres metales. El plomo mostró la menor genotoxicidad. En el testigo se registraron caudas que variaron de 5 a 20 mm de longitud y el porcentaje de células con daño fue del 16%. Los resultados indican que cuando se encontraron porcentajes de células con daño genético por arriba del 80% y con caudas de longitudes de entre 100 a 152 mm correspondieron a organismos moribundos.

EVALUACIÓN DEL DESEMPEÑO REPRODUCTOR DE *Drosophila melanogaster* EN RELACIÓN CON EL DAÑO GENÉTICO

Trujillo VY¹, Ramos-Morales P¹, Villagrán SM², Espinosa AJJ³ y Macías C⁴

¹Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental, Facultad de Ciencias UNAM.

²Departamento de Biología Comparada, Facultad de Ciencias UNAM. ³Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM. ⁴Instituto de Ecología, UNAM. yaneli@ciencias.unam.mx

En la evaluación de la actividad de factores físicos, químicos o biológicos sobre el material genético, es importante ya que dependiendo de la intensidad de la exposición puede traer consecuencias incluso hasta en sobrevivencia de los organismos por ejemplo el impacto más evidente de los contaminantes se traduce en letalidad para una parte de la población, mientras que otra parte sobrevivirá sin efectos detrimentales evidentes de acuerdo con los biomarcadores de exposición y daño comunes. Sin embargo, se requiere ampliar el tipo de indicadores de daño para lo que se puede recurrir a otros indicadores como la actividad reproductiva de los organismos. En este trabajo se establece si organismos no expuestos son capaces de diferenciar entre aquellos organismos que han sido expuestos a un genotóxico de los que no están. Se procedió a tratar a larvas silvestres con el mutágeno de referencia Azida de Sodio en diferentes concentraciones que van desde 3.6mM a 1.13×10^{-13} . Las moscas que se recobraron fueron contabilizadas y se obtuvo el índice de sobrevivencia y proporción sexual. Para la siguiente etapa del tratamiento se seleccionó la concentración 3.8×10^{-6} en la que no se registró toxicidad para exponer a machos silvestres que se cruzaron junto con machos mutantes no tratados con las hembras vírgenes (*ywf*) no tratadas. En la concentración más alta se recuperó menor cantidad de organismos ($p < 0.05$). No se registraron diferencias en la proporción de sexos de la progenie (excepto en la concentración 3.8×10^{-6}). El análisis de la progenie recobrada mostró que las hembras participaron en un mayor número de cópulas cuando los machos silvestres habían sido tratados con NaN₃. La progenie mostró ventaja de los machos silvestres, sin importar si eran tratados o no. La cantidad de progenie recobrada fue menor cuando los machos habían sido expuestos al compuesto. Se recomienda realizar nuevamente el tratamiento para poder corroborar los resultados. Agradecimientos: Al Posgrado en Ciencias Biológicas UNAM. Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) por el financiamiento otorgado. Banco de Moscas UNAM.

AVANCES EN LA EVALUACIÓN DEL EFECTO DEL RESVERATROL EN CO-TRATAMIENTO CON MMS, URE Y 4-NQO EN SMART EN ALA DE *Drosophila melanogaster* (CE)

García-Huerta E, Palacios-López CS, Silva-Calzada J, Dueñas-García IE, Santos-Cruz LF y Heres-Pulido ME*

Laboratorio Genética Toxicológica, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM. Av. de los Barrios No. 1 Tlalnepantla de Baz. Estado de México. *heres@campus.iztacala.unam.mx

El Resveratrol, es un polifenol presente, principalmente, en la cáscara de las uvas rojas, al cual se le atribuyen propiedades antioxidantes, antiproliferativas, de regulación del ciclo celular e inducción de apoptosis, entre otras. Por otro lado, el metil metanosulfonato (MMS) un alquilante directo que forma metil-aductos y es oxidante indirecto; el uretano (URE) un promutágeno que forma aductos y el 4-nitroquinolina-1-óxido (4-NQO) mutágeno, promutágeno y generador de radicales libres. El presente trabajo se realizó para evaluar el efecto del Resveratrol sobre el daño producido por estos mutágenos en co-tratamiento, en SMART en ala de *Drosophila melanogaster* el cual permite detectar mutación, recombinación somática, clastogénesis y aneuploidogénesis. Se propagaron las líneas con los marcadores *mwh* y *flare*³ y se hizo la cruce estándar (hembras *flr*³/TM3, *Bd*^S X machos *mwh/mwh*); de ésta se obtuvieron larvas de 72 ± 4 h, con las cuales se realizaron tres experimentos independientes con tres réplicas cada uno, en co-tratamientos de Resveratrol (2.5, 10 y 40 µg/mL) con los tres mutágenos. Los testigos negativos fueron agua miliQ, acetona 2% y EtOH 1%; como testigos positivos se usaron cada uno de los mutágenos con sus respectivos solventes. Los imagos emergidos se recuperaron en EtOH al 70%, se les disectaron las alas y se montaron en preparaciones permanentes, las cuales fueron analizadas en un microscopio a 40X. Se determinó la frecuencia y el tipo de manchas por ala en los grupos tratados comparándolos con los testigos, se realizó el análisis estadístico con el programa SMART para PC versión 2.1 y la prueba U de Mann-Whitney y Wilcoxon, a p<0.05. Los resultados obtenidos para el MMS demuestran que el Resveratrol no tuvo efecto contra el MMS. Los resultados para URE y 4-NQO están en proceso.

EFFECTO DEL H₂O₂ EN LA SOBREVIVENCIA Y LOS PARÁMETROS REPRODUCTIVOS: FECUNDIDAD TOTAL, DESEMPEÑO REPRODUCTIVO Y PORCENTAJE DE FERTILIDAD EN LAS LÍNEAS *flare*³ Y OREGON-*flare*³ DE *Drosophila melanogaster*

Martínez-Castillo MA, Piedra-Ibarra E, Durán-Díaz A, Dueñas-García IE, Heres-Pulido ME y Santos-Cruz LF*

Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, Av. de los Barrios No. 1, Col. Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, Estado de México, C.P. 54090. *neladiaem@yahoo.com.mx

El oxígeno molecular es esencial en la vida de los organismos aerobios; sin embargo, puede originar especies reactivas de oxígeno que al incrementarse perturban el balance prooxidante-antioxidante de las células, lo que provoca estrés oxidativo que conlleva daño potencial sobre moléculas biológicas, tales como lípidos, proteínas y ácidos nucleicos. El peróxido de hidrógeno (H₂O₂) al ser una molécula altamente reactiva, puede originar radicales libres fácilmente y por lo tanto inducir estrés oxidativo. Se ha observado que procesos relacionados con la reproducción en humanos se ven afectados al incrementar la cantidad de ROS. En la actualidad los humanos se encuentran frecuentemente expuestos, en bajos niveles, al H₂O₂ de manera prolongada puesto que es utilizado en numerosos productos de uso cotidiano. Por lo anterior, se evaluó el efecto del H₂O₂ en la sobrevivencia y los parámetros reproductivos: fecundidad, desempeño reproductivo y porcentaje de fertilidad de moscas P0 de las líneas *flare*³ y Oregon-*flare*³ de *D. melanogaster*. Asimismo, se evaluó la emergencia de la generación F1 por un posible efecto crónico. Se propagaron las líneas *flare*³ y Oregon-*flare*³ en hojuelas de papa, se colectaron larvas de tercer estadio y con estas se realizaron: i) la prueba de toxicidad que constó de 4 experimentos independientes con tres repeticiones para las concentraciones 5, 25, 50, 150 y 200 mM; y ii) Análisis de los parámetros reproductivos en 2 experimentos independientes con 5 repeticiones para los tratamientos H₂O₂ (20 mM), agua miliQ (testigo universal), Tolueno (testigo positivo) y Dimetilsulfóxido (solvente del Tolueno). En este trabajo se demostró que el H₂O₂ posee efectos tóxicos en *D. melanogaster*, obteniendo una CL₅₀ para la línea *flare*³ de 38 mM y para Oregon-*flare*³ de 46 mM, y que a la concentración subtóxica 20 mM modifica la proporción sexual y el ciclo de vida de *D. melanogaster*.

EFFECTOS CITOTÓXICOS Y GENOTÓXICOS EN CÉLULAS BRONQUIALES HUMANAS EXPUESTAS A LA MATERIA ORGÁNICA EXTRAÍDA DE LAS PM_{2.5} DE 3 ESTACIONES DE MONITOREO ATMOSFÉRICO DE LA CIUDAD DE MÉXICO

¹Flores-Márquez AR, ^{2,3}Miguel-Pérez G, ¹Maya-Miranda G, ¹Amador-Muñoz O, ¹Villalobos-Pietrini R, ³Eguía-Aguilar P, ³PérezPeña-DíazConti M, ¹Pérez-Guzmán VA y ^{2,3}Arenas-Huertero F*

¹Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM. ²Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad Simón Bolívar. ³Departamento de Patología, Hospital Infantil de México Federico Gómez. farenashuertero@yahoo.com.mx

Los contaminantes de la atmósfera se encuentran como gases o partículas, éstas últimas pueden ser sólidas o líquidas y al estar suspendidas en un gas forman un aerosol, generando una mezcla compleja de compuestos orgánicos e inorgánicos, con diferentes propiedades químicas y biológicas. Las partículas con diámetro \leq a 2.5 μm (PM_{2.5}) se depositan en la región alveolar y son potencialmente causantes de diversos efectos en el ser humano. Entre los compuestos hallados en el material orgánico extraído (MOE) de las PM_{2.5} están los hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAP) con propiedades carcinogénicas. El objetivo de este trabajo fue analizar el efecto citotóxico y genotóxico de diferentes concentraciones de MOE de PM_{2.5} de tres sitios de la Ciudad de México, en una línea celular bronquial. Las células NL-20 (bronquiales humanas) fueron expuestas por 24 horas a 0.1, 5, 17 y 100 $\mu\text{g}/\text{mL}$ de MOE de las estaciones de monitoreo atmosférico, La Merced (Centro), San Agustín (Noreste) y Coyoacán (Suroeste), de un mes de secas y de otro de lluvias. Empleando las técnicas de cristal violeta y el ensayo cometa, se evaluó la viabilidad celular y el daño al DNA, respectivamente. En cuanto a los resultados, la mayor citotoxicidad se obtuvo con 100 $\mu\text{g}/\text{mL}$ de MOE de la estación Centro, reduciendo la viabilidad celular a 52.4 % y 54.2 %, en las temporadas de secas y de lluvia, respectivamente ($p < 0.05$). Además también indujo gran cantidad de anomalías celulares como multinucleación y atipia nuclear. Los porcentajes de viabilidad anteriores, fueron significativamente diferentes de los obtenidos con la misma concentración, pero de las muestras de la estación Noreste, siendo de 91.2 % y 85 % ($p < 0.05$). Solo los valores de momento de la cola obtenidos con la mayor concentración de la zona Centro (mes de secas) fueron significativamente diferentes del testigo ($p < 0.01$), lo que indica que fue la única muestra genotóxica. En conclusión, la MOE del Centro fue la más citotóxica de las tres y puede deberse a las emisiones de un alto número de automotores circulando, lo que corresponde con la mayor concentración de HAP y de sus nitro derivados.

EFFECTO DE DMN (N-DIMETILNITROSAMINA) EN LA FECUNDIDAD Y FERTILIDAD DE *Drosophila mojavensis*

Ramírez-Flores MF¹, Ramos-Morales P^{2*} y Hernández BBR¹

¹Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental, ² Banco de Moscas, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. Av. Universidad 3000. Ciudad Universitaria, México, D.F. 04510. fer_live@hotmail.com

Drosophila melanogaster ha sido utilizada como modelo toxicológico durante años debido al conocimiento de su sistema metabólico y su respuesta ante los estímulos a los que se expone. Como todos los modelos, su utilidad en campo es restringida por las características del tipo de ambiente involucrado. Por esto se propone explorar el uso de *D. mojavensis*, un díptero que se encuentra en zonas desérticas, para fortalecer el uso de insectos en actividades de biomonitoreo. Para esto es necesario establecer: el cultivo en condiciones de laboratorio, la duración del ciclo de vida y sus fases, así como la reproducción en condiciones controladas de temperatura, luz y humedad. En la siguiente etapa es necesario establecer la respuesta ante genotóxicos conocidos, como el promutágeno alquilante Dimetilnitrosamina (DMN). La duración de las fases del ciclo de vida se obtuvo como el promedio de 30 cultivos individuales. Para establecer la respuesta genotóxica y reprotóxica, larvas de tercer estadio se expusieron por alimentación a la DMN (5 a 1.2×10^{-6} mM, por diluciones sucesivas) Como línea testigo se utilizó a moscas silvestres *D. melanogaster*. Los adultos recobrados se cuantificaron y se cruzaron por parejas individuales en tres tipos de cruza, de acuerdo con el tipo de hembra o macho utilizado: TxT, TxNT y NTxT. Para cada tipo de crusa y concentración se siguieron 10 familias hasta F₂. El ciclo de vida tiene una duración de 15 a 16 días a 20°C. En 5 mM se recobró mayor proporción de machos pero éstos fueron estériles. Al disminuir la concentración se recobró mayor cantidad de progenie pero la relación no fue lineal. La proporción de sexos fue diferente a la testigo en algunas concentraciones. La pérdida de fertilidad en altas concentraciones coincide con lo reportado para *D. melanogaster*. El mayor efecto se registró cuando ambos progenitores fueron expuestos y el menor cuando sólo fue expuesto el macho. Agradecimientos: al Banco de Moscas, al Taller ITGyA de Biología.

ESTUDIO DE CITOTOXICIDAD *IN VITRO* DE LA ALEACIÓN AMORFA $Ni_{60}Nb_{20}Zr_{20}$

Escutia-Guadarrama L¹, Dávalos de la Cruz KV², Figueroa Vargas IA^{1*}
y Aguilar Santamaría MA²

¹Instituto de Investigaciones en Materiales, Ciudad Universitaria, UNAM, México

²Universidad Autónoma Metropolitana Campus Iztapalapa. lidia.escutia@gmail.com

Un material es considerado biocompatible cuando al estar en contacto con un sistema biológico, no produce reacción adversa como alteraciones en las funciones celulares o daño al ADN entre otras. Las pruebas de biocompatibilidad son muy importantes para conocer si un material dado puede ser utilizado satisfactoriamente como implante. El objetivo de este trabajo fue evaluar la aleación vítrea con la composición $Ni_{60}Nb_{20}Zr_{20}$ para ser utilizada en aplicaciones biomédicas como la fabricación de tornillos, placas, suturas metálicas etc., ya que presenta propiedades mecánicas superiores a sus análogas con estructura cristalina. Se analizó la respuesta que este material pudiera inducir en cultivos de linfocitos humanos mediante el ensayo de reducción de MTT para evaluar la actividad metabólica mitocondrial y del índice mitótico para conocer si hay alguna alteración en la fase M del ciclo celular. Se cultivaron linfocitos de 10 donadores de entre 25 y 35 años, sanos. Después de 24 horas de incubación, los cultivos se expusieron a la aleación en forma de cintas de 2 cm de largo esterilizadas y se incubaron durante 48 horas más. El ensayo de MTT consistió en centrifugar el cultivo para separar 75 μ L de glóbulos blancos, eliminar eritrocitos e incubar con 50 μ L de MTT por 3 horas. Los cristales de formazán se disolvieron en 100 μ L de isopropanol y se midió la absorbancia a 595 nm. Para el índice mitótico una hora antes de la cosecha se agregó a los cultivos 0.125 mL de Colcemid, las células se lavaron, se les dio un tratamiento hipotónico, se fijaron y se lavaron para después distribuir la suspensión celular en dos portaobjetos. Se contaron 6000 células en cada lote por donador y se determinó el índice mitótico. Los resultados obtenidos en ambos ensayos no muestran diferencia significativa entre los lotes testigo y experimental. Esto quiere decir que en presencia de la aleación las células sobreviven y realizan sus funciones normalmente. Sin embargo, estos resultados aún no son suficientes para afirmar que este material pueda ser implantado sin causar daño; es necesario evaluar la posible genotoxicidad y realizar pruebas *in vivo* para garantizar su inocuidad.

ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DEL TIBURÓN BLANCO (*Carcharodon carcharias*) EN EL PACÍFICO NORORIENTAL

Sánchez-Hernández XE y Díaz-Jaimes P*

Laboratorio de Genética Acuática del Instituto de Ciencias del Mar y Limnología. Circuito Exterior S/N. Ciudad Universitaria. Delegación Coyoacán. Código postal 04510. Ciudad de México. Distrito Federal. pindaro@cmarl.unam.mx

El tiburón blanco (*Carcharodon carcharias*, Linneus 1758) se encuentra en la Lista Roja como vulnerable de acuerdo a la clasificación de la IUCN. Para el diseño de estrategias de manejo de la especie es necesario considerar la aparición de poblaciones genéticamente discretas con capacidades distintas de respuesta a presiones ambientales o de aprovechamiento (Graves, 1998). Jorgensen *et al.* en el 2010, demostraron por medio de geoposicionadores y detección acústica que los tiburones blancos del Pacífico Central y Nororiental se concentran en tres zonas principalmente: cerca de las costas de Norte América, en las aguas litorales de las islas de Hawaii y en la región "El Café" cerca de los límites del giro del Pacífico Norte. Los tiburones blanco viajan de la zona de "El Café" al Pacífico Nororiental dividiéndose en dos grupos; el primero se dirige a la zona de crianza en California, cerca de la costa frente a San Francisco, y el segundo llega a las inmediaciones de Isla Guadalupe, Baja California (Weng *et al.* 2007). Este trabajo evalúa la estructura genética poblacional y el nivel de variabilidad genética del tiburón blanco en Isla Guadalupe, Golfo de California y Sudáfrica empleando la región control del DNA mitocondrial, para 30 muestras de tejido en cada población, con los primers universales Elasmo F y R, y además microsatélites dinucleotidos en 5 loci con el protocolo del M13. Estimando mediante Gene Pop 3.4 el número de alelos por locus, frecuencia de los alelos, equilibrio de Hardy-Weinberg y desequilibrio de ligamiento. La estructura poblacional se determinará con Structure y Arlequin 3.1. Por último se calculará el tamaño efectivo poblacional y el flujo genético con el fin de identificar que la población de California representa un linaje divergente, justificando así un régimen de conservación especial.

PRUEBAS DE BIOCOMPATIBILIDAD *IN VITRO* DE COLÁGENO TIPO I PROVENIENTE DE TENDÓN DE BOVINO

Rodríguez-Elias AK¹, López-Trinidad BP¹, Gómez KK² y Aguilar Santamaría MA^{1*}

¹Departamento de Ciencias de la Salud, UAM-I. Avenida San Rafael Atlixco 186. Col. Vicentina, Iztapalapa, 09340 Ciudad de México, D.F., bio.exp.akre@gmail.com.

²Departamento de Biomateriales. Instituto de Investigaciones en Materiales UNAM. Circuito Exterior, Ciudad Universitaria, Coyoacán, 04510, México, D.F.

Uno de los productos genéticos primarios de los fibroblastos es el colágeno que forma parte de la matriz extracelular. El colágeno tipo I, el más abundante en el organismo, es de baja inmunogenicidad y desde 1978 se ha empleado como biomaterial como piel artificial, hemostático, material de aumento de tejidos blandos, protección de córneas, reparación de perforación arterial, etc. En el Instituto de Investigaciones en Materiales de la UNAM se ha logrado obtener colágeno tipo I de tendón de bovino, que, de ser biocompatible, ofrecería la posibilidad de contar con sus productos a costos más accesibles para nuestra población. Para determinar la biocompatibilidad de este material, se realizaron cultivos de linfocitos de nueve donadores, por cada uno se formaron dos lotes: experimental y testigo; se incubaron durante 24 h a 37°C, se expusieron al colágeno (0.1 mL/mL de medio) y se incubaron nuevamente por 48 h. Los cultivos se cosecharon a las 72 h. Para el ensayo de reducción del MTT se centrifugó, se tomaron 75 μ L de células blancas, se eliminaron los eritrocitos con buffer de lisis, se agregó 50 μ L de MTT e incubó durante 3:30 horas a 37°C; se adicionó 50 μ L de isopropanol incubando nuevamente durante 10 minutos, y se midió la D.O. Para la determinación del Índice Mitótico (IM) se añadió colcemida durante 1 hora, se aplicó un tratamiento hipotónico y las células se fijaron. Las laminillas, se tiñeron con colorante de Giemsa al 10%, se contaron 6000 células por lote/donador y se calculó el IM. Los resultados obtenidos con el MTT indican que las células sobreviven a la presencia del colágeno y que su actividad metabólica se conserva sin cambio significativo (t de Student, $p > 0.05$). Los resultados de IM obtenidos hasta el momento sugieren que el colágeno no es tóxico. Tampoco es citotóxico ya que se conserva la capacidad de proliferación. De demostrarse que el material no es citotóxico ni genotóxico *in vitro* podrá procederse a las pruebas *in vivo*.

DETERMINACIÓN DE LA CITOTOXICIDAD DE MEZCLAS POLIMÉRICAS CON POSIBLES APLICACIONES BIOMÉDICAS

¹López-Trinidad BP, Rodríguez-Elias AK², González-Hernández I y ¹Aguilar Santamaría MA*

¹Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana. Avenida San Rafael Atlixco # 186. Col. Vicentina, Iztapalapa, 09340 México, D. F. ²Departamento de Biomateriales. Instituto de Investigación en Materiales UNAM. Circuito Exterior, Ciudad Universitaria, Coyoacán, 04510, México, D.F. nous_22@hotmail.com

La colágena es uno de los materiales más usados en medicina para reparar daños o traumas químico-biomecánicos. En el mercado se encuentra en forma combinada con otros polímeros como el polivinilpirrolidona (pvp) bajo el nombre de Fibroquel. Se ha pensado que puede mejorarse la eficacia de este producto enriqueciéndolo con colágena tipo I. El polímero ϵ -caprolactona también se emplea en clínica como liberador de fármacos y en suturas. Con el fin de aprovechar las cualidades de este polímero y la colágena tipo I, en el Instituto de Materiales de la UNAM se han desarrollado mezclas. En este trabajo se propuso determinar si las mezclas de colágena- ϵ -caprolactona (col-cap) y colágena-fibroquel (col-fib) tienen efecto citotóxico sobre los linfocitos humanos. Se cultivaron linfocitos de nueve donadores. A los cultivos de cinco de ellos se les expuso a membranas de col-cap y a los restantes a membranas de col-fib durante las últimas 48 horas de incubación a 37°C. Los cultivos del lote testigo no se expusieron a ningún material. La cosecha se inició a las 72 h de cultivo. Para evaluar la actividad metabólica, se centrifugaron los cultivos y se tomaron 75 μ L de leucocitos y se incubaron con 50 μ L de MTT después de haber eliminado los eritrocitos. Se incubaron durante 3.5 h a 37°C, se añadió isopropanol y se midió la absorbancia. A los cultivos destinados a determinar el índice mitótico, se les agregó colcemida a las 71 h, se les aplicó un tratamiento hipotónico y se fijaron las células. Las preparaciones se tiñeron con colorante de Giemsa. El índice mitótico se determinó en un total de 6,000 células por lote de cada donador. Se encontró que la actividad metabólica mitocondrial y la proporción de células en proliferación de los lotes experimentales no difiere de manera significativa del testigo (Tukey, $p > 0.05$). Estos resultados son favorables y animan a realizar pruebas adicionales que permitan concluir que las mezclas probadas pueden ser empleadas como biomateriales.

EVALUACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD POR URETANO EN CÉLULAS SOMÁTICAS DE *Drosophila melanogaster*

Meza-González NM y Ramos-Morales P*

Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental, Facultad de Ciencias UNAM. Av. Universidad 3000. México D.F., 04510. nayelli_maricruz89@comunidad.unam.com

Un organismo modelo en la evaluación de los efectos producidos por la exposición a un genotóxico es *Drosophila melanogaster*. Las características de susceptibilidad y la resistencia ante la presión ambiental en sus poblaciones puede ser una estrategia para establecer una respuesta específica que incluye los aspectos genéticos y la intensidad del compuesto. El conocer la variabilidad de respuesta por la exposición de los organismos a diferentes concentraciones de un compuesto permite avanzar en el conocimiento del mecanismo involucrado. El cambio en la respuesta de los organismos no es necesariamente lineal, en particular cuando son expuestos a concentraciones muy bajas. En este trabajo se muestra la curva concentración - efecto en células somáticas del mutágeno Uretano. Se utilizaron cepas de *Drosophila melanogaster* con mutaciones como *flr³* y *mwh* para realizar la Prueba de Mutación y Recombinación Somática (SMART). Como inductor de daño se usó el *uretano* o también llamado *etil-carbamato*. La exposición de los organismos al compuesto consistió en un tratamiento agudo (6h) a partir de diluciones sucesivas con un rango de concentraciones que va de 20 a 2×10^{-14} mM, el testigo negativo y disolvente fue sacarosa al 5%. Terminada la exposición, las larvas se enjuagaron y se colocaron en medio fresco para completar el desarrollo. Los adultos recobrados se contabilizaron para después ser fijados en etanol al 70% para la realización del montaje de laminillas. Se registró el número, tipo y tamaño de manchas en las alas de las moscas libres de inversión. Los resultados muestran que la respuesta no es lineal, particularmente a bajas concentraciones. Es necesario continuar explorando en los efectos inducidos por concentraciones muy bajas de genotóxicos para establecer su asociación con enfermedades crónicas y de largo desarrollo. El efecto que algunos compuestos producen a bajas concentraciones debe ser reevaluado en la determinación de los límites de exposición a éstos. AGRADECIMIENTOS: Hernández BBR, Muñoz HA, al Banco de Moscas de la UNAM y al Taller ITGyA de Biología.

RELACIÓN ENTRE LOS BIOMARCADORES DE EFECTO Y EXPOSICIÓN Y LOS SIGNOS Y SÍNTOMAS ASOCIADOS AL CONTACTO CON PLAGUICIDAS EN AGRICULTORES DE UNA COMUNIDAD DE GUERRERO

Martínez-Pichardo R¹, Gómez-Arroyo S^{1*}, Carbajal-López Y², Villalobos-Pietrini R³ y Chávez Almazán L⁴

Laboratorios de ¹Genotoxicología y ³Mutagénesis Ambientales, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM. Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, México, D.F., ²Unidad Académica de Ciencias Químico-Biológicas, Universidad Autónoma de Guerrero, Ciudad Universitaria, Av. Lázaro Cárdenas s/n Chilpancingo, Gro., ⁴Laboratorio Estatal de Salud Pública "Dr. Galo Soberón y Parra". Secretaría de Salud Guerrero, Bulevar Vicente Guerrero s/n, Ciudad Renacimiento, 39715, Acapulco, Gro. slga@atmosfera.unam.mx

El daño genético se detecta mediante diversos marcadores biológicos, uno de los más empleados es el ensayo de micronúcleos en células exfoliadas del epitelio bucal, que tiene como característica ser accesible y que está universalmente validado. El contacto con agentes genotóxicos se puede presentar en el ambiente laboral como es el caso de la agricultura, que en México emplea plaguicidas en forma indiscriminada, intensa y sin medidas de protección para las personas expuestas, directa e indirectamente. En el medio rural guerrerense sigue siendo la actividad económica más importante, ya que se considera que 800,000 personas se dedican a esta labor. Es necesario estimar el posible daño ocasionado por los plaguicidas con biomarcadores de exposición y de efecto, su relación con los signos y síntomas asociados a estos productos, así como la influencia del tabaquismo y del alcoholismo. El estudio de los micronúcleos en células epiteliales bucales se realizó raspando la parte interna de las mejillas, el tejido fue distribuido de forma homogénea en portaobjetos y se dejó secar al aire. La fijación de cada laminilla se efectuó con metanol-ácido acético frío (3:1) y fueron teñidas con el reactivo de Schiff durante 90 minutos, analizando 3000 células por individuo. La medición de la colinesterasa eritrocitaria se determinó por el método cinético de la butirilticolina con lectura espectrofotométrica a 405 nm. El estudio se hizo en 27 personas ocupacionalmente expuestas y 16 no expuestas a plaguicidas en el municipio de Tixtla de Guerrero, la frecuencia de micronúcleos en las personas expuestas fue significativamente mayor que en las no expuestas, asimismo, se identificó que el antecedente de tabaquismo y alcoholismo incrementó la frecuencia de micronúcleos. La inhibición de la acetilcolinesterasa eritrocitaria fue más elevada en las personas que aplican plaguicidas organofosforados sin que se identificaran casos de intoxicación aguda. Los biomarcadores de efecto y exposición son útiles en la evaluación del daño genético en las personas que trabajan con estos compuestos, pues permiten identificar riesgos a la salud e influir en la prevención y limitación de los mismos, que generalmente se producen por la práctica inadecuada en el manejo de estos productos.

AZIDA DE SODIO MODIFICA LA FRECUENCIA DE RECOMBINACIÓN EN EL CROMOSOMA X EN CÉLULAS GERMINALES DE *Drosophila melanogaster*

Arroyo JE, Ramos-Morales P *

Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental, Facultad de Ciencias UNAM, Av. Universidad 3000, México D.F., 04510. eaj@ciencias.unam.mx

Drosophila melanogaster es un modelo *in vivo* que permite determinar diferentes tipos de daño genético debido a que existen alrededor de 12,000 cepas con marcadores específicos (Lindsley y Zimm, 1992). La azida de sodio (NaN_3) es un compuesto que se usa como reactivo en la síntesis orgánica, reactante en las bolsas de seguridad de los automóviles, herbicida, fungicida, agente antibacterial entre otros. La NaN_3 presenta actividad mutagénica y clastogénica, en *Drosophila melanogaster* e induce reparación por recombinación somática pero se desconoce su actividad en células germinales. Como marcadores se utilizaron los genes *white* (*w*, I-1.5 μm) y *miniature* (*m*, I-36.2 μm) en tres tipos de cepas. Se pretende evaluar si la frecuencia de recombinación germinal entre los genes *w-m* es alterada por la exposición de moscas a NaN_3 . Larvas silvestres de *D. melanogaster* de $72 \pm 4\text{h}$ se alimentaron subcrónicamente con diluciones sucesivas de NaN_3 (0.125-1.13E-13 mM) o agua destilada (testigo negativo). Se comparó el índice de sobrevivencia (IS) de las moscas tratadas respecto al testigo. De las moscas recobradas se seleccionaron aleatoriamente 15 machos por concentración y se cruzaron con hembras no tratadas de las cepas: *ywm*, *wmf* y *wm*. Se contó el número de hijos por cada sistema de cruce y de 5 familias seleccionadas aleatoriamente se sembraron 5 parejas de hermanos (total 25 familias) para obtener la F_2 . La progenie se clasificó por fenotipo para calcular las frecuencias de recombinación de los dos genes. Se detectaron diferencias significativas en la sobrevivencia de las moscas expuestas a 0.125 mM. Se registraron diferencias en la fertilidad y fecundidad de la línea *ywm* con respecto a las otras y en las moscas de su F_1 y F_2 . La frecuencia de recombinación entre los genes (*w-m*) fue menor cuando se utilizaron hembras de la cepa *ywm* en la cruce inicial. La presencia del gen *yellow* modifica la respuesta de genotoxicidad e interfiere con la recombinación en la zona *w-m*. Es necesario explorar si *yellow* está involucrado en los procesos de recombinación en células germinales. *Agradecimientos: A. Muñoz, H. Rivas, B. Hernández, Banco de Moscas.*

EVALUACIÓN DE LOS NIVELES DEL ADUCTO 8-OHdG Y FRAGMENTACIÓN DEL ADN EN LINFOCITOS PERIFÉRICOS HUMANOS EXPUESTOS *IN VITRO* A HIDROCARBUROS AROMÁTICOS POLICÍCLICOS

Rodríguez-Romero MI, Calderón-Segura ME y Gómez-Arroyo S

Laboratorio de Citogenética Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM. Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510 México, D.F. rodriguezrmi@hotmail.com

Los hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAPs) dibenzo(*a,h*)antraceno, benzo(*ghi*)perileno, benzo(*b*)fluoranteno y benzo(*a*)pireno se han identificado en el aire de la Ciudad de México constituyendo un grave problema de contaminación, debido a que la población está constantemente expuesta a estos compuestos que se clasifican como carcinógenos humanos. En el presente estudio se evaluó el nivel del aducto 8-OHdG y la fragmentación del ADN en linfocitos periféricos humanos expuestos *in vitro* a HAPs. Los linfocitos se coincubaron a diferentes concentraciones de los cuatro HAPs con (+S9) y sin (-S9) activación metabólica animal. Los efectos genotóxico y citotóxico se evaluaron por la fragmentación del ADN con el ensayo cometa alcalino y la tinción de exclusión con azul tripano respectivamente, mientras que el daño oxidante se determinó con la detección de los niveles del aducto 8-OHdG por el método de ELISA. El daño al ADN se analizó mediante dos parámetros genotóxicos: la frecuencia de cometas y la longitud de la cauda. Las concentraciones de 20, 40, 80, 160 y 320 μM de DB(*a,h*)A -S9; 20, 40, 80, 160 y 240 μM de B(*ghi*)P-S9; 20, 30, 40, 60 y 80 μM de B(*b*)F-S9 y 80 μM de B(*a*)P-S9 por 24 h indujeron diferencias significativas en el promedio de la frecuencia de cometas, en la longitud de la cauda y en el nivel de 8-OHdG en relación con el testigo (0.5 % DMSO-S9). Sin embargo, cuando los HAPs se coincubaron con la mezcla enzimática (HAPs+S9) el aumento fue mucho mayor en ambos parámetros genotóxicos y en el nivel de 8-OHdG comparado con el testigo (0.5 % DMSO+S9). Los HAPs-S9 y HAPs+S9 mostraron una relación de concentración-efecto. La viabilidad de los linfocitos expuestos a todos los tratamientos (HAPs-S9 y HAPs+S9) no se modificó en comparación con los testigos. Los resultados de este estudio demuestran que los ensayos cometa y ELISA son rápidos, adecuados y sensibles para detectar genotoxicidad y estrés oxidante inducido por contaminantes ambientales como los HAPs en linfocitos periféricos humanos *in vitro*, también se demuestra que los HAPs más abundantes en la mezcla respirable de la Ciudad de México representan riesgo potencial para la salud humana.

APROXIMACIÓN INTEGRAL PARA DETERMINAR EL ESTATUS TAXONÓMICO DE LAS TORTUGAS PRIETA Y VERDE

González-Lozano CP^{1,2*}, Correa-Sandoval F³, Solana-Arellano ME⁴
y Santacruz-López E⁴

¹Centro de Estudios Universitarios Xochicalco. ²Universidad Interamericana para el Desarrollo. ³Instituto de Investigaciones Oceanológicas, Universidad Autónoma de Baja California, campus Ensenada. ⁴Centro de Investigación Científica y Educación Superior de Ensenada, Baja California. noessophie@yahoo.fr

La taxonomía de la tortuga verde (*Chelonia mydas mydas*) y la prieta (*C. mydas agassizi*) actualmente no están bien definidas desde el punto de vista genético, por lo que no existe un consenso entre si son subespecies de una misma especie o si son dos especies (*C. mydas* y *C. agassizi*). En este trabajo se pretende aportar elementos desde una perspectiva integral, con el fin de entender la historia reciente de la especie y determinar o dilucidar el estatus taxonómico de *C. mydas mydas* y *C. mydas agassizi*. En este trabajo se analizó la similitud entre *C. mydas mydas* y *C. mydas agassizi* a partir de las bases de datos del National Center for Biotechnology Information (NCBI) y del Código de Barras de la Vida (BOLD Systems), así como el Catálogo de la Vida (Catalogue of Life: 2012 Annual Checklist), Global Biodiversity Information Facility (GBIF), Reptile Database y Testudines.org. Se hizo un análisis biogeográfico preliminar para integrar la distribución espacial de la especie, los datos genéticos y la morfometría. En NCBI se encontraron 4 registros nucleotídicos (ningún registro proteico) para *C. mydas agassizi*, comprendiendo todas las secuencias parciales de la región control mitocondrial correspondientes a organismos colectados en Punta Abreojos y Bahía Magdalena, en el Pacífico mexicano. No se encontraron registros de *C. mydas mydas* como tal, y de *C. mydas* existen 542 secuencias de nucleótidos, incluyendo los 4 descritos para *C. mydas agassizi* y 538 secuencias sin especificar la subespecie. Tomando en cuenta la biogeografía de los dos tipos de tortugas, se infiere que tentativamente, algunas de las referencias publicadas para *C. mydas* correspondían a *C. mydas agassizi* y otras a *C. mydas mydas*. Sin embargo, algunos registros no mencionaban lugar de procedencia. En BOLD SYSTEMS, sólo se encuentran 35 referencias de *C. mydas*, pero ninguna para subespecies. Con esto en mente, se deduce la necesidad de hacer estudios para verificar genéticamente si se tratan de especies, subespecies o haplotipos distintos y con base en estos resultados modificar, en caso necesario, la información taxonómica referente a las secuencias bioinformáticas.

EVALUACIÓN DE LOS ESTUDIOS GENÉTICOS REALIZADOS SOBRE QUIROPTEROFAUNA MEXICANA

González-Lozano CP^{1,2,3*}, Jullian-Montañez AG⁴ y Martínez-Gallardo R⁵

¹CISALUD, Universidad Autónoma de Baja California, campus Ensenada. ²Centro de Investigación Científica y Educación Superior de Ensenada, Baja California.

³Universidad Interamericana para el Desarrollo. ⁴Instituto de Investigaciones Oceanológicas, Universidad Autónoma de Baja California, campus Ensenada.

⁵Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Baja California. noesissophie@yahoo.fr

En México se encuentran descritas aproximadamente 136 especies de murciélagos, pertenecientes a 8 familias, sin embargo, la mayoría de los estudios realizados sobre éstos se basan en taxonomía y sistemática, dejando en menor cantidad los trabajos genéticos. Para evaluar la cantidad de trabajos genéticos publicados en las bases de datos genéticas, anteriormente se llevó a cabo una evaluación del número de secuencias reportadas de nucleótidos y proteínas para las familias representadas en el país. En esta ocasión, se hizo una recopilación de datos para cada una de las especies, usando como referencia la base de datos genética del NCBI y la del proyecto de código de barras de la vida BOLD SYSTEMS, teniendo especial interés en el número real de secuencias reportadas para el organismo en cuestión y no para organismos relacionados con éste, si la secuencia nucleotídica corresponde a ADN nuclear o mitocondrial, así como, en caso de ser mencionado, el lugar en donde se llevó a cabo la investigación. De 136 especies estudiadas, tres tuvieron más de 1000 registros totales, sin embargo, los registros para la especie en sí se redujeron a menos de 1000 para una de ellas, ya que algunas de las secuencias registradas se arrojan por relación, ya sea simbiótica o parasitaria. 32 especies mostraban más de 100 registros, pero menos de 1000 y nueve especies no arrojaron ningún registro, ni de nucleótidos ni de proteínas. La especie con mayor número de registros fue *Myotis lucifugus*, tanto totales como específicos. Las secuencias relacionadas más encontradas pertenecen a microorganismos patógenos, principalmente, como el virus de la rabia. Con este análisis, se puede tener una idea más aproximada de la cantidad de trabajos genéticos que se están llevando a cabo en México. Es necesario ampliar el número de investigaciones moleculares en murciélagos, ya que su papel en el ecosistema va más allá de la transmisión de enfermedades.

EFFECTO DE LA BEBIDA ENERGETIZANTE MFORCE (UNA NOCHE) EN LA FERTILIDAD Y FECUNDIDAD DE *Drosophila melanogaster*

Salgado-Carrillo MV y Ramos-Morales P*

Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental, Dpto. Biol. Cel., Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. Av. Universidad 3000. Ciudad Universitaria, México D. F. 04510. viridiana_skm@ciencias.unam.mx

El Mforce© es una bebida energética, que ha sido diseñada para proporcionar el beneficio específico de ofrecer vitalidad al actuar ante esfuerzos extras durante la actividad sexual vigorosa. Dicha bebida contiene como principales ingredientes la taurina y la cafeína. La taurina es un aminoácido no esencial que se encuentra presente en el cuerpo humano y en los alimentos (principalmente en la proteína animal), aunque este aminoácido parece participar en varios procesos importantes, aún resta dilucidar y caracterizar algunas de sus funciones. En trabajos previos de nuestro grupo de trabajo se ha reportado que la taurina muestra actividad mutagénica a bajas concentraciones, toxicidad en altas concentraciones que indican baja sobrevivencia, y al interaccionar con compuestos con el agente alquilante monofuncional N-nitroso-dimetilamina (DMN) ha mostrado que potencia el daño e interfiere en la expresión génica durante el desarrollo de *Drosophila melanogaster*. El creciente e indiscriminado consumo de este tipo de bebidas energéticas se ha convertido en un problema de salud, siendo por ello el objetivo de este trabajo evaluar la toxicidad y el efecto producido por Mforce en la fertilidad y fecundidad de *Drosophila melanogaster*. Para determinar si existen diferencias en la respuesta a nivel metabólico se emplearon larvas de 72 ± 4 horas de dos cepas de la moscas del vinagre (CS y OR-R). Larvas de tercer estadio se sometieron a diferentes concentraciones de Mforce hasta que alcanzaron su estado adulto. Para evaluar efecto producido por la bebida energizante, se utilizaron como biomarcadores el índice de sobrevivencia, la fecundidad y la fertilidad. Los resultados mostraron que el índice de sobrevivencia, la fecundidad y la fertilidad variaron en las diferentes concentraciones con respecto al testigo (agua destilada). Por tanto la bebida energética Mforce (una noche) no es una sustancia inocua ya que modifica el índice de sobrevivencia de *Drosophila melanogaster*, además de afectar la fertilidad y fecundidad de las moscas tratadas. El efecto en la sobrevivencia de las moscas tratadas y en su actividad reproductiva fue claramente alterado en bajas concentraciones del compuesto. Agradecimientos: a BR Hernández, al Banco de Moscas y al Taller ITGyA de Biología, Facultad de Ciencias.

BIOMONITOREO GENOTÓXICO EN LAS POBLACIONES INFANTILES DE LAS COMUNIDADES DE SANTA ROSA Y DOLORES EN TAXCO DE ALARCÓN, GUERRERO

Hurtado-Brito P, Salinas-Alcántara L, Talavera-Mendoza O, Díaz-Villaseñor E, Ramírez-Guzmán A, Carbajal-López Y, Gómez-Arroyo S y Calderón-Segura ME*

Unidades Académicas de Ciencias de la Tierra y Ciencias Químicas de la UAG. Laboratorio de Toxicología Ambiental. Centro de Ciencias de la Atmósfera de la UNAM Circuito Exterior, Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510 México D.F. mcalderon@atmosfera.unam.mx

Taxco de Alarcón, Guerrero es un sitio ex minero con más de 450 años de explotación de sus depósitos de Ag, Pb, Cu y Zn, como resultado se han generado grandes cantidades de desechos sólidos (Jales), los cuales han sido acumulados rellenando barrancas de comunidades cercanas. Los jales, el Fraile, se ubican aproximadamente a 5 Km al suroeste de la ciudad de Taxco de Alarcón, las principales poblaciones cercanas a los jales son Santa Rosa a 1 km y Dolores a 2 km. La exposición ambiental a metales pesados no esenciales (Cd, As, Cr, Ag, Hg, Ni, Pb y T) es muy conocida ya que están asociados a un amplio rango de efectos tóxicos en plantas y animales incluyendo el ser humano. Estos elementos inducen efectos neurotóxicos, inmunotóxicos, genotóxicos, entre otros. Debido a que la población infantil está en desarrollo y con cambios metabólicos importantes es más susceptible genética y bioquímicamente a la exposición a esta clase de genotoxinas ambientales. En este estudio se evaluó el daño genético en dos poblaciones infantiles expuestas a metales pesados (Santa Rosa n=54 y Dolores n=101) y una población no expuesta (Chilpancingo n=75). El daño al ADN fue evaluado en células del epitelio bucal mediante Ensayo Cometa Alcalino, cuantificando la frecuencia de cometas, la longitud y el momento de la cauda en microscopía de fluorescencia. Los resultados mostraron que los niños que habitan en zonas ex mineras Santa Rosa (SR) y Dolores (D) muestran daño al ADN evidenciado por los aumentos significativos en la frecuencia de cometas (SR=28.04±2.38) (D=5.68±0.27), en la longitud de cauda (SR=74.27±5.46) (D=73.02±3.33) y momento de la cauda (SR=25.07±2.68) (D=10.43±0.88) comparado con el grupo infantil testigo Chilpancingo (3.95±0.80), (44.85±2.71), (5.52±0.51).

***Jatropha curcas* (L) MEXICANAS E INTRODUCIDAS Y SU CARACTERIZACIÓN CON MARCADORES MOLECULARES ESPECÍFICOS**

¹Toledo García I, ¹Servin Garcidueñas L, ¹Ormeño Orrillo E, ²Rosas Ramírez F, ²Cruz Gómez J, ²Islas Samperio J y ¹Martínez Romero E*

¹Centro de Ciencias Genómicas, UNAM, Avenida Universidad 2001, Cuernavaca, Mor. 62210,
² Edificio E Posgrado, Fac. de Química, Laboratorio 212, UNAM, D.F. 04510, ³Centro de Investigación en Energía, UNAM, Privada Xochicalco St. Temixco, Mor. 62580, emartine@ccg.unam.mx

La producción de biocombustibles usando recursos vegetales nativos como la *Jatropha curcas* (L) o piñoncillo como se le conoce, puede contribuir en la disponibilidad de energía renovable. La producción extensiva e intensiva que será requerida y la introducción de germoplasma no nativo utilizado para este fin, puede atentar contra la diversidad genética de la especie y la conservación de los recursos genéticos nativos por lo cual en este trabajo se planteó la utilización de marcadores moleculares RAPD, ISSR e SCAR utilizados para la determinación de especie, biogeografía, confirmación de hibridación, etc. de plantas silvestres y cultivadas, que a través de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) permiten generar productos con variables longitudinales característicos de una región del genoma. El registro de los patrones polimórficos obtenidos a partir del ADN de *J curcas* de 9 entidades de México, permitió generar matrices binarias. La similitud genética fue calculada usando los coeficientes de similitud de Dice y de Jaccard y se visualizaron en dendogramas por el método UPGMA. Los resultados nos reportan diversidad genética alta entre las 43 accesiones analizadas. Los patrones obtenidos indican que los seis marcadores utilizados (3-RAPD y 3-ISSR) son bastante informativos. Generaron un conjunto de 72 bandas donde 58 fueron polimórficas con un promedio general de polimorfismo de 80.7% y un PIC promedio de 0.43, que contrasta con el bajo o moderado porcentaje reportado (33.5 y 35.5%) en países donde ésta oleaginosa ha sido introducida (India y China). Los marcadores SCAR utilizados definen solo al 65.12% de accesiones como mexicanas –no tóxicas en 6 de las 9 entidades estudiadas. El análisis filogenético se realizó por la ampliación de la región ITS y su secuenciación utilizando los primers JCITS-1-F, las secuencias fueron alineadas contra secuencias depositadas en el GenBank, la reconstrucción filogenética se realizó mediante el análisis de máxima verosimilitud y el modelo de ajuste Kakusan 4. Visualizamos un grupo divergente de *J curcas* tóxico y un grupo mayoritario exclusivo de *J curcas* mexicanas en su mayoría determinadas como de baja o nula toxicidad.

GENOTOXICIDAD DE COLÁGENA TIPO I EN SOLUCIÓN

Schiavon S¹, Dávalos de la Cruz KV¹, Cruz-López AF¹, Gómez LKK²
y Piña-Barba MC²

¹Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. ²Universidad Nacional Autónoma de México. eerie_dimension@hotmail.com

La colágena, por ser parte fundamental de la matriz extracelular, tiene la función de estructura ya que brinda soporte a la célula y, desde hace tiempo, la colágena tipo I en solución tiene aplicaciones tanto clínicas como cosméticas. Los productos existentes en el mercado nacional son de importación. En el Instituto de Investigaciones en Materiales de la UNAM se logró obtener colágena tipo I en solución a partir de tendón de bovino y con el fin determinar si este material es genotóxico, se sometió a prueba utilizando como biomarcador la frecuencia de aberraciones cromosómicas numéricas y estructurales en cultivo de linfocitos humanos como modelo experimental. Los cultivos se realizaron con sangre periférica de 8 donadores adultos (4 hombres y 4 mujeres) con una edad promedio de 29 años. Por cada donador se formaron dos lotes, un testigo y otro experimental, el cual se expuso a la colágena tipo I en solución (0.1 mL/mL de medio de cultivo) durante 48 h. Para determinar las alteraciones numéricas y estructurales, se cultivaron las células habiendo añadido previamente colcemida cada uno de los cultivos, seguido de un tratamiento hipotónico, finalmente las preparaciones se tiñeron con Giemsa. Las alteraciones numéricas se determinaron con base en la variación del número diploide de la especie en un total de 120 mitosis/lote/donador y las estructurales en 60 mitosis/lote/donador registrando el número de hendiduras ("gaps") sencillas y dobles, y rompimientos ("breaks") sencillos y dobles. El análisis de resultados indica que la colágena en solución no induce aneuploidías ni poliploidías y tampoco tiene efecto clastogénico.

EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE MEMBRANAS A BASE DE MEZCLAS DE COLÁGENA CON E-CAPROLACTONA Y POLIVINILPIRROLIDONA

Schiavon S¹, Dávalos de la Cruz KV*¹, Cruz-López AF¹, González-Hernández I² y Piña-Barba MC²

¹Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. ²Universidad Nacional Autónoma de México. eerie_dimension@hotmail.com

En el Instituto de Investigaciones en Materiales de la UNAM se produjeron dos membranas una de colágena con ϵ -caprolactona y otra de colágena con polivinilpirrolidona (PVP) cuyos componentes poseen propiedades inductoras de la cicatrización y de la regeneración tisular además de poder ser usadas como medio de andamiaje celular y acelerador de la recuperación de tejidos dañados en casos clínicos. Con el fin de determinar la genotoxicidad de esas membranas, se sometieron a pruebas utilizando como biomarcador la frecuencia de aberraciones cromosómicas numéricas y estructurales en cultivo de linfocitos humanos como modelo experimental. Los cultivos se realizaron con sangre periférica de 8 donadores adultos (4 hombres y 4 mujeres) con una edad promedio de 29 años. Las membranas de los diferentes materiales se recortaron en forma de rectángulos de 2.5 cm de largo por 0.5 cm de ancho y se esterilizaron con gas de óxido de etileno. Por cada donador se formaron tres lotes de cultivos, un testigo y dos experimentales, los cuales se expusieron a las membranas durante las últimas 48 h. En un total de 120 mitosis/lote/donador se registró el número de cromosomas presentes en cada una de ellas para determinar la ocurrencia de alteraciones numéricas. Para evaluar el efecto clastogénico se analizaron 60 mitosis/lote/donador y se registró el número de hendiduras ("gaps") sencillas y dobles, y rompimientos ("breaks") sencillos y dobles. Los resultados indican que ninguno de los materiales utilizados tiene efecto genotóxico.

EVALUACIÓN DE MAÍCES DE DIFERENTES AMBIENTES Y COLOR PARA FORMAR UN PROGRAMA DE MEJORAMIENTO PARA FORRAJE

Rivas Jacobo MA^{1*}, Herrera Corredor CA¹, Marín Sánchez J¹ y Carballo Carballo A²

¹Facultad de Agronomía de la UASLP, ²Programa de Semillas del Colegio de Posgraduados. Km 14.5 de la Carretera San Luis Potosí Matehuala, Ejido Palma de la Cruz, Soledad de Graciano Sánchez, S. L. P. marco.rivas@uaslp.mx

México tiene gran diversidad genética de maíces colectados y resguardado en diferentes bancos de germoplasma con poco uso y se tiene poca información de su utilidad para otras regiones, por lo consiguiente se evaluó el potencial productivo de 36 genotipos de maíz de diferente ambiente y color, buscando identificar genotipos alternativos para la alimentación animal. La investigación se realizó en Soledad de Graciano Sánchez, S. L. P. ubicado a 22° 13' LN y a 100° 50' LO, a 1835 m.s.n.m. El clima es seco templado con 362 mm de precipitación. Se utilizaron 36 genotipos de maíz de diferente ambiente (Tropical, Subtropical y Templado) y color (Amarillo, blanco y rojo). La siembra se realizó en suelo húmedo arenoso el 13 de abril de 2011 en surcos a 95 cm y una semilla cada 14 cm. Se dieron cuatro riegos por gravedad. Se fertilizó con 115 kg de N y 46 kg de P₂O₅ ha⁻¹. Se controlaron malezas mecánica y químicamente. Las variables fueron rendimiento de materia (RMSTOT), de tallo y hojas (RMSTH) y elote (RMSE). El diseño experimental fue en bloques al azar. La parcela experimental fue de 3 m de largo con cinco surcos. Se cosecharon 10 plantas al azar en competencia completa y se separaron los elotes y el tallo con hojas, los cuales se pesaron y picaron en una trituradora de forraje. Se tomó una submuestra de 300 g y se depositó en una bolsa de papel estraza y se secaron en una estufa de aire forzado a 55 °C. Se observaron diferencias significativas, el mayor rendimiento lo obtuvo el ChalqueñoTex con 34.9 t MSTOTAL ha⁻¹, seguida de TlanchiHgoA2, OjitalCT, RojoHgo, Tampiqueño1, AS948-1 y Supertiburón en un rango de 28.6 a 21.8 t ha⁻¹. Los dos primeros mostraron los mayores RMSTH y RMSE. La tendencia fue que los rojos mostraron los mayores RMSTOTAL promedio con 20.8, seguido de los blancos con 18.8 y los amarillos con 16.8 t ha⁻¹. Se observó que existen genotipos de los diferentes ambientes y colores, con potencial productivo para las zonas semiáridas, por lo que pueden emplearse para programas de mejoramiento genético para forraje.

ESTRUCTURA GENÉTICA DEL ATÚN DE ALETA AMARILLA (*Thunnus albacares*) A TRAVÉS DE MARCADORES MICROSATELITALES EN POBLACIONES DE LOS OCÉANOS ATLÁNTICO Y PACÍFICO

García-Arias LM, Díaz-Jaimes P y Uribe Alcocer M*

Laboratorio de genética de organismos acuáticos del Instituto de ciencias del mar y limnología de la UNAM. Avenida Universidad 3000 Universidad Nacional Autónoma de México C.U. Distrito Federal 04510. pindaro@cmarl.unam.mx, lindaboard@ciencias.unam.mx

El atún de aleta amarilla *Thunnus albacares* (Bonnaterre, 1788) (*Scomber albacores*; Lacepede, 1800) se explota ampliamente en todo el mundo, generando una contribución del 27% a la pesquería total mundial de atún y organismos relacionados hasta el 2008. Esto la ubica como la segunda especie de atún más capturada y de alta prioridad en el desarrollo de su gestión. Algunos análisis han reportado heterogeneidad en la variación morfológica entre poblaciones de atunes de distintos océanos, pero la cantidad de diferencias existentes entre los organismos de un mismo grupo exceden la que resulta entre diferentes poblaciones, lo cual representa evidencia de la plasticidad fenotípica de las poblaciones o la posibilidad de que existan puntos de mezcla. Por otro lado, el carácter transoceánico que se adjudica a la especie y los altos valores de tamaño efectivo poblacional reportados han resultado en que el grado de diferenciación genética del atún de aleta amarilla ha sido registrado en forma limitada, así mismo los distintos marcadores moleculares han demostrado poca capacidad de resolución; revelan muy bajos niveles de estructura o no revelan diferencias genéticas significativas entre las cuencas del océano Atlántico y Pacífico. Sin embargo, se ha encontrado evidencia de estructura genética en poblaciones de *T. albacares* entre los márgenes oriental y occidental del Pacífico y entre las poblaciones al norte y sur del ecuador en el Pacífico oriental. Por lo anterior este proyecto se desarrolló con la finalidad de analizar la estructura genética de la especie entre el océano Atlántico y Pacífico, mediante el análisis de las frecuencias alélicas de 7 loci microsateles. Tanto las pruebas entre pares de muestras, como las de estructura genética revelaron que existe heterogeneidad genética entre las localidades de ambas cuencas oceánicas, a diferencia de lo que se había reportado anteriormente. El presente estudio resalta la utilidad de los marcadores microsateles para dilucidar la estructura genética en especies altamente migratorias, proporcionando información útil para su manejo.

EVALUACIÓN DEL EFECTO DE HIDROXIUREA EN LA FECUNDIDAD Y FERTILIDAD DE *Drosophila mojavensis*

Ramírez-Flores OM, Ramos-Morales P* y Hernández BBR

Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental, Banco de Moscas Facultad de Ciencias, UNAM, Av. Universidad 3000, México D.F. 04510. flores.olga@ciencias.unam.mx

La Hidroxiurea, también llamada Hydroxycarbamida, es un fármaco que retrasa la replicación del ADN y consecuentemente, la división celular; actúa en la fase S del ciclo celular y ocasiona detención en la interfase G₁-S, de modo que también afecta la reparación del ADN dañado y provoca la acumulación de mutaciones; esta sustancia también actúa en el nivel de producción de Hemoglobina Fetal lo cual determina el nivel de severidad en casos de Anemia Falciforme. A partir de los años 60's comenzó a utilizarse como un agente antineoplásico. Actualmente se emplea en el tratamiento de enfermedades mieloproliferativas crónicas aunque se desconoce el mecanismo implicado. A pesar del interés en los alcances y mecanismos de acción de Hidroxiurea no existen metodologías que evalúen *in vivo* efectos en la fertilidad y fecundidad de los organismos expuestos a este fármaco. *Drosophila mojavensis* es una mosca cactófila endémica del Desierto de Sonora, este sistema-modelo presenta un gran potencial para la realización de estudio evolutivos, conductuales, genéticos y toxicológicos. En este trabajo se estudió la toxicidad de la Hidroxiurea en *D. mojavensis*, así como su efecto en la fertilidad y fecundidad de los organismos expuestos (F₁ y F₂). Como línea testigo se utilizaron moscas silvestres *D. melanogaster*. Larvas de tercer estadio de *D. mojavensis* fueron alimentadas con diluciones sucesivas de Hidroxiurea (de 32 a 1x10⁹ mM) y se registró el número de organismos sobrevivientes. Por concentración se seleccionaron aleatoriamente individuos tratados (T) ó no tratados (NT) para realizar las cruza: TxT, TxNT y NTxT de hembras y machos, respectivamente. Se obtuvo el promedio de la progenie y se sembraron 10 parejas /concentración/cruza/ experimento. Se registró la fertilidad de las moscas tratadas y el número de progenie recobrada. Para *D. melanogaster* y *D. mojavensis* el tratamiento fue tóxico a partir de 8 mM. En *D. mojavensis*, la fecundidad es menor cuando la hembra es la tratada (F₁). La fecundidad de la F₁ mostró la siguiente tendencia: NTxT > TxNT > TxT. Agradecimientos: al Banco de Moscas, al TGyTA de Biología.

ANÁLISIS FENÉTICO Y CLADÍSTICO DE CARACTERES CROMOSÓMICOS DE ESPECIES DEL GÉNERO *Reithrodontomys*

¹Urbina-Sánchez I, ¹Aguilar-Santamaría MA, ²Arellano-Arenas E, ¹Barriga-Sosa IDLA, ²González-Cózatl F y ³Rogers D

¹Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. ²Universidad Autónoma del Estado de Morelos. ³Brigham Young University. maas@xanum.uam.mx

El género *Reithrodontomys* es un grupo de roedores cuya posición filogenética aún no es clara debido a que en los estudios de morfología, isoenzimas y ADN se ha observado una alta variabilidad. El análisis de los caracteres cromosómicos es una herramienta que permite hacer aportaciones a la sistemática, ya que el cariotipo sirve como elemento para diferenciar una especie de otra. En virtud de que la composición numérica y morfológica del cariotipo están sujetas a las presiones de la selección natural, los rearrreglos cromosómicos pueden ser el elemento que detone el proceso de formación de una nueva especie. Con el fin de proponer una hipótesis filogenética, utilizando exclusivamente caracteres cromosómicos, se construyó una matriz de datos tomando en cuenta los siguientes: número diploide, número fundamental, número de cromosomas metacéntricos, submetacéntricos, subtelocéntricos y acrocéntricos, número de cromosomas B y par heteromórfico, de 22 cariotipos que correspondían a 14 especies. Para el análisis fenético se trabajó en el programa SPSS en el que se realizó un análisis de componentes principales, de conglomerados y dendograma. El análisis cladístico se llevó a cabo utilizando el programa PAUP bajo el criterio de máxima parsimonia con búsqueda *branch and bound*. Las especies formaron claramente tres grupos: el primero contiene a las del subgénero *Aporodon*, en el segundo se encuentran las especies intermedias entre los subgéneros *Aporodon* y *Reithrodontomys* y el tercer grupo incluye a las especies del subgénero *Reithrodontomys*. Con base en los resultados obtenidos se propone que *R. mexicanus* presenta el cariotipo ancestral del género y se sugiere que *R. mexicanus* de Oaxaca podría ser una entidad taxonómica distinta a *R. mexicanus sensu stricto*. También *R. s. dorsalis* podría ser una entidad taxonómica diferente a *R. sumichrasti*. Finalmente se concluye que el estudio de los cromosomas brinda información tan valiosa como los resultados morfológicos y moleculares, los complementa y los enriquece.

ORTOSELECCIÓN Y MEGAEVOLUCIÓN CARIOTÍPICA EN ESPECIES DEL GÉNERO *Reithrodontomys*

¹Urbina-Sánchez I, ¹Aguilar-Santamaría MA, ²Arellano-Arenas E, ¹Barriga-Sosa IDLA, ²González-Cózatl F y ³Rogers D

¹Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. ²Universidad Autónoma del Estado de Morelos. ³Brigham Young University. maas@xanum.uam.mx

El género *Reithrodontomys* está constituido por 21 especies de roedores clasificadas en dos subgéneros, *Aporodon* y *Reithrodontomys*. Se han descrito cariotipos de 18 especies y la mayoría de los trabajos citogenéticos coinciden en que existe una marcada variabilidad cromosómica. El objetivo de este trabajo es contar con un mayor conocimiento de los patrones de variación cromosómica y proporcionar información sobre el proceso de evolución cariotípica de las especies del género. Se analizaron los cariotipos con tinción convencional disponibles y los patrones de bandas C y G, de *R. mexicanus*, *R. microdon*, *R. tenuirostris*, *R. megalotis* y *R. sumichrasti*. Los resultados muestran dos tendencias: una en el subgénero *Aporodon* en el que las especies presentan cariotipos completamente monorráneos, con sólo dos números diploides ($2n=50$ y 52) y dos números fundamentales ($NF=48$ y 50), heterocromatina restringida a la región centromérica y, en algunos casos, fragmentos intercalares. Este patrón responde a un mecanismo de ortoselección cariotípica (White, 1978) en el cual un sólo tipo de rearrreglo cromosómico ocurre repetidamente dentro de un grupo de especies. En el subgénero *Reithrodontomys* se encontró una gran diversidad en números diploides y fundamentales, variación en la morfología de los autosomas y cromosomas sexuales, presencia de cromosomas B y de pares heteromórficos; brazos completamente heterocromáticos y mayor frecuencia de fragmentos intercalares de heterocromatina. Esta variabilidad intra e interespecífica en el subgénero *Reithrodontomys* sugiere que existe un proceso de megaevolución cariotípica. Al igual que en otras especies de roedores la ocurrencia de rearrreglos cromosómicos juega un papel importante en la evolución del género.

GENES DE LEPTINA, RECEPTOR DE LEPTINA Y PPAR γ ASOCIADOS PERITONITIS SECUNDARIA NO APENDICULAR CON Y SIN TRASTORNOS DE LA NUTRICIÓN

Macías-Salas A^{1,4}, Loera-Castañeda V*¹, Bracho-Riquelme RL^{2,3}, Torres-Valenzuela A^{2,4}, Loera-Castañeda GA¹ y Sánchez-Ramírez JP³

²Universidad Juárez del Estado de Durango, ³Hospital General de Durango, ⁴Hospital "Santiago Ramón y Cajal" ISSSTE, Durango, ¹CIIDIR-IPN Unidad Durango, sigma 119 fracc. 20 de nov. II C.P.34220 Durango, Dgo. México. vloera@ipn.mx

La relevancia clínica de la peritonitis secundaria ha motivado, la identificación de factores de riesgo con significado pronóstico- de mortalidad postoperatoria. Nuestro objetivo fue determinar si los polimorfismos G-2548A del gen *LEP*, A223G del gen *LEPR* y C34G del gen *PPAR γ* , son factores genéticos de riesgo para un desenlace desfavorable en pacientes con peritonitis secundaria. Se realizó una Cohorte prospectiva. Se incluyeron 75 pacientes del servicio de cirugía general del Hospital General de Durango, SSA, con diagnóstico de peritonitis secundaria no apendicular, confirmada quirúrgicamente. Se excluyeron además pacientes con peritonitis pancreática, con tratamiento inmunosupresor o con ingesta crónica de corticoesteroides. Se realizó extracción de ADN a partir de sangre total, posteriormente se realizó amplificación de los genes *LEP*, *LEPR* y *PPAR γ* mediante PCR de punto final y la identificación de los polimorfismos se realizó mediante RFLP. De los 75 pacientes incluidos, 42 fueron hombres y 33 mujeres. La edad promedio del grupo de hombres sobrevivientes fue de 43 años y para las mujeres de 55 años. El Índice de Masa Corporal promedio por género fueron 24.20 en los hombres y 23.6 en mujeres. 22 pacientes fallecieron, y 53 sobrevivieron. Mediante razón de momios, se encontró que el alelo mutado A del polimorfismo G-2548A del gen *LEP* representa 4.64 veces más riesgo de no sobrevivida con respecto a los individuos que presentan el alelo silvestre (G). Respecto al polimorfismo A223G del gen *LEPR*, la presencia del alelo mutado (G), sugiere la posibilidad de un factor protector 3.5 veces y el polimorfismo C34G del gen *PPAR γ* no representa un factor de riesgo para desenlace desfavorable.

EFFECTO REPROTÓXICO DE ATRAZINA EN *Drosophila melanogaster*

Ramírez-Hernández M y Ramos-Morales P*

Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Avenida de los Barrios Número 1, Colonia Los Reyes Iztacala Tlalnepantla, Estado de México, C.P. 54090, Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental, Facultad de Ciencias, UNAM, Avenida Universidad 3000, México DF, 04510. tarimablung@hotmail.com, prm@ciencias.unam.mx

La toxicología reproductiva se encarga de estudiar los efectos deletéreos producidos por agentes exógenos que interfieran en la capacidad o habilidad reproductiva, incluyendo los efectos en la lactación. La descripción de alteraciones en la función reproductiva de una creciente cantidad de especies animales, junto a la demostración de la exposición humana y animal a sustancias químicas con actividad hormonal, principalmente estrogénica, dio lugar hace dos décadas a lo que se conoce con el nombre de "disrupción endocrina", la cual se acompaña de disfunciones del aparato reproductor, neoplasias, malformaciones, algunas formas de neurotoxicidad y respuesta inmune disminuida. Algunos disruptores endocrinos son los plaguicidas, los cuales son sustancias químicas muy diversas, que incluyen a los insecticidas, fungicidas, herbicidas, acaricidas, molusquicidas y rodenticidas. En México para el año 2010 la producción de plaguicidas fue de 58,549 toneladas, de las cuales 26,671 corresponden a insecticidas y 31,878 a herbicidas defoliantes, donde atrazina ocupa el tercer lugar en cuanto a su uso. Para evaluar el efecto reprotóxico de atrazina, se utilizaron larvas de 72 h de *Drosophila melanogaster* cepas CS y ORR, se realizaron 15 diluciones sucesivas (80-0.00000029802 ppm) que se agregaron a viales con medio. Se cuantificó a los adultos sobrevivientes y se obtuvo el índice de sobrevivencia y la proporción sexual. Se determinó la fertilidad y fecundidad de la F₁ y F₂. La sobrevivencia de moscas CS fue menor en las concentraciones 00000029802, 0.000305176, 0.3125 y 5 ppm; y para la cepa ORR en las concentraciones 7.6E-05 y 0.3125. En cuanto a la proporción sexual para CS no hay concentraciones donde el promedio sea igual durante las generaciones, sin embargo en ORR la concentración 0.001220703 ppm la proporción sexual fue similar entre las moscas tratadas con atrazina y su progenie. Los resultados se analizaron con una ANOVA de un factor obteniendo que no son significativos, esto se debe a las fluctuaciones que presentan, ya que al graficar se observan curvas, que corresponden al efecto umbral que presentan los organismos al tratar de metabolizar o desintoxicarse del compuesto. Agradecimiento: al Laboratorio de Investigación Científica y Tecnológica FES Iztacala y al Banco de Moscas, UNAM.

ANÁLISIS ESPACIAL DE LA VARIACIÓN GENÉTICA DEL ATÚN ALETA AMARILLA (*Thunnus albacares*) EN EL OCÉANO PACÍFICO MEDIANTE MICROSATÉLITES

Sandoval-Laurrabaquio Alvarado N, Morales-Villegas H, Díaz-Jaimes P* y Uribe Alcocer M*

Laboratorio de genética de organismos acuáticos del Instituto de ciencias del mar y limnología de la UNAM. Avenida Universidad 3000 Universidad Nacional Autónoma de México C.U. Distrito Federal 04510. pindaro@cmarl.unam.mx, s_inadia@yahoo.com.mx

Determinar la estructura genética poblacional del atún aleta amarilla (*Thunnus albacares*) en el océano Pacífico ha sido un tema de interés para algunos investigadores desde hace algunas décadas dada su importancia comercial. A pesar de contar con numerosos datos de marcaje y recaptura que se señalan una migración limitada entre regiones, estudios con diversos marcadores moleculares han mostrado discrepancias al evaluar el grado de flujo genético entre diversas localidades de la mencionada cuenca oceánica. Por lo anterior, el presente análisis se planteó con la finalidad de contribuir al esclarecimiento de dicha estructura, pretendiendo así, aportar información valiosa al manejo sustentable de la especie. Mediante el análisis de siete loci microsatelitales en 276 individuos de atún aleta amarilla (*Thunnus albacares*) se detectó diferenciación genética de muestras procedentes de la región oriental (Oaxaca y Perú) y occidental (Filipinas y Taiwán) del océano Pacífico, en coincidencia con diversos estudios que incluyen datos morfométricos, de marcaje y genéticos. También son reportadas diferencias entre la región central (Hawái) con la región oriental, especialmente en las comparaciones con las muestras del Pacífico suroriental (Perú), mientras que no se observan diferencias entre la región central y occidental. Los resultados del presente análisis señalan que las mayores diferencias se detectan de agrupar la zona centro y occidente del Pacífico respecto de la zona oriental, lo que resulta coincidente con el estudio realizado por Ward *et al.* (1994) y a la estructura espacial designada actualmente para el atún aleta amarilla en el océano Pacífico. Por otro lado, fueron también detectadas señales de diferenciación entre la región al sur y norte del Ecuador en la región del Pacífico oriental, lo que justificaría la separación del *stock* oriental en dos pertenecientes a las regiones mencionadas, consistente con artículos anteriores, como también una señal de diferenciación temporal entre dos muestreos de Perú (2002 y 2005). Así mismo se detectaron valores de heterocigosidad por locus y población altos (0.549), reflejando una alta variabilidad genética en la especie estudiada y valores de flujo genético bajos (<1) entre las localidades analizadas.

VIDEOS COMO MATERIAL DE APOYO EN EL LABORATORIO DE GENÉTICA

Padilla López MA, Mejía Barrera MA, Castañeda Sortibrán AN, León Rangel L, Jasso Martínez JM, Reyes Martínez I y Rodríguez Arnaiz R*

Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México.
Av. Universidad 3000, Ciudad Universitaria, Coyoacán, México, Distrito Federal.
*rosario.rodriguez@ciencias.unam.mx

Una de las preocupaciones actuales en docencia universitaria, se refiere al protagonismo que deben adquirir los estudiantes y las metodologías que propicien su aprendizaje autónomo y reflexivo. Hemos sentido la necesidad de crear material original de alta calidad en forma de videos con la finalidad de ampliar, reforzar y divulgar algunas metodologías que se usan en las prácticas de Genética I a nivel licenciatura. En este trabajo se describe el resultado del uso de dichos vídeos como una herramienta de apoyo a la docencia y la divulgación científica de la Genética. Los videos que hemos generado, abordan diferentes procedimientos que se realizan en la materia de Genética I en la Facultad de Ciencias de la UNAM, tales como: distinción de las principales características que se presentan en machos y hembras de la mosca de la fruta, obtención de los cromosomas gigantes de la misma, y extracción de DNA de epitelio bucal humano. Los videos se encuentran contenidos en un canal de Youtube® para su divulgación y sirven de apoyo para reforzar y ampliar el aprendizaje de los alumnos de la asignatura de Genética I. Para evaluar los videos se realizaron dos encuestas a alumnos del curso intersemestral de Genética I del semestre 2012-3. Los resultados sugieren que utilizar videos como herramienta para el apoyo a la docencia es adecuado.

MODULACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD INDUCIDA POR EL DICROMATO DE POTASIO MEDIANTE LA CURCUMINA EN *Vicia faba*

Cortés-Eslava J¹, Gómez-Arroyo S^{1*}, Flores-Márquez AR² y Villalobos-Pietrini R²

Laboratorios de ¹ Genotoxicología y ² Mutagénesis Ambientales, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México. Circuito Exterior Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, México D.F. jcortes@atmosfera.unam.mx

Entre los efectos adversos de la contaminación ambiental, el daño genético se ha relacionado con la inducción de cáncer, alteraciones reproductoras, enfermedades crónico-degenerativas, etc. La peligrosidad del cromo ambiental depende del estado de oxidación, el hexavalente (VI) que entra en las células y se reduce a trivalente (III), forma especies reactivas de oxígeno, daño oxidante, etc. Estudios recientes con derivados vegetales muestran efecto protector contra moléculas reactivas y bloqueo del daño al ADN, uno de ellos es la curcumina, fitoquímico con actividad antiinflamatoria, antioxidante y anticarcinogénica, utilizado como condimento para añadir color y sabor. Con el objeto de evaluar la actividad de la curcumina sobre la genotoxicidad inducida por el dicromato de potasio, se empleó el ensayo cometa. Se utilizaron cortes de las raíces de haba tratadas con 0.1 M del compuesto por dos horas, sometidas previa y posteriormente a concentraciones crecientes de curcumina (25 a 500 µg/mL). El testigo negativo se mantuvo en agua destilada. Núcleos aislados de las raíces en amortiguador frío, se colocaron en partes iguales con agarosa de punto de fusión bajo en portaobjetos previamente cubiertos con agarosa normal, colocando otra capa al solidificar y se expusieron a lisis (pH=10) al menos una hora. Se incubaron en amortiguador alcalino frío pH>13 durante 20 minutos y se corrió la electroforesis otros 20 min. Las laminillas se neutralizaron y se fijaron con etanol 100 %, se tiñeron con bromuro de etidio y se analizaron las imágenes en el microscopio de fluorescencia con el programa Comet Assay IV. Se registró el momento de la cauda de 25 núcleos en tres preparaciones por concentración. Se aplicó un análisis de varianza y la prueba de comparación múltiple de Newman-Kewls observando que la curcumina disminuyó significativamente la genotoxicidad del dicromato de potasio, independientemente de la aplicación (pre o post-tratamiento) y no hubo relación dosis respuesta. El trabajo demostró la capacidad de la curcumina para disminuir el daño al ADN inducido por el dicromato, coincidiendo con trabajos previos de nuestro grupo, además de corroborar la utilidad de las plantas en estudios básicos y aplicados de toxicología ambiental.

GENOTOXICIDAD INDUCIDA POR EL INSECTICIDA METIL PARATIÓN EN *Vicia faba*

Gómez-Arroyo S^{1*}, Cortés-Eslava J¹, Villalobos-Pietrini R², Marroquín-Pérez A L¹ y Rivera-Rivera GL¹

Laboratorios de ¹Genotoxicología y ²Mutagénesis Ambientales, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México. Circuito Exterior Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, México D.F., 56224072, fax 56160789. jcortes@atmosfera.unam.mx

La contaminación por la aplicación directa o indirecta de plaguicidas al dispersarse en el ambiente representa un riesgo ocupacional y para la salud pública. Los agentes genotóxicos afectan el material genético de la célula, causando cambios en el número o estructura de los cromosomas, que pueden incorporarse en generaciones celulares subsecuentes y producen mutaciones. El metil paratión, insecticida utilizado en gran cantidad de cultivos, ha mostrado la actividad inhibidora de la acetilcolinoesterasa (AChE) produciendo importantes repercusiones en la salud al afectar el sistema nervioso. El ensayo cometa o electroforesis unicelular alcalina es una técnica fluorescente utilizada para evaluar el efecto de los contaminantes ambientales sobre el ADN de células individuales, principalmente daños mutagénicos y genotóxicos. Se realizó la prueba de ensayo cometa en el haba. Se aplicaron tratamientos con 0.001, 0.01, 0.1 y 1 M de metil paratión sobre las raíces, mientras que el testigo negativo fue expuesto a agua destilada y el testigo positivo a $K_2Cr_2O_7$. Se aislaron los núcleos mecánicamente y esta suspensión en relación 1:1 con agarosa punto de fusión bajo se colocó en portaobjetos precubiertos con agarosa los cuales se solidificaron para aplicar una tercera capa; cada una de las laminillas con núcleos aislados, fueron sometidas a una solución de lisis, así como de pre-electroforesis con amortiguador (pH >13), se corrió la electroforesis durante 20 minutos, se neutralizaron y se fijaron con etanol. Se tiñeron con bromuro de etidio y se examinaron en un microscopio de fluorescencia, registrando el momento de la cola de 25 núcleos de 3 preparaciones por concentración con el programa *Comet assay IV*. Los resultados indicaron un efecto genotóxico, se obtuvieron diferencias significativas por el análisis de varianza y por prueba de comparación múltiple de Tukey-Kramer ($p < 0.001$). Por otro lado se observaron núcleos con aspecto de "nubes" que sugieren un proceso de muerte celular. Se concluyó que el ensayo cometa es muy sensible a bajas concentraciones de agentes genotóxicos, permitiendo profundizar en cantidades específicas de metil paratión para conocer el nivel de daño nuclear. Agradecimientos al PAPIIT por apoyo al proyecto IN111812.

CARACTERIZACIÓN AGRONÓMICA DE VARIEDADES DE CALABAZA (*Cucurbita moschata* (Duchesne ex Lam.) EN LA COMARCA LAGUNERA

Puente-Manríquez JL*¹, Moreno-Reséndez A¹, Carrillo-Amaya S¹
y Samaniego-Gaxiola JA²

¹Departamento de Fitomejoramiento. U.A.A.A.N. UL. Periférico Raúl López Sánchez con Carretera a Santa Fe Torreón Coahuila, ²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias Matamoros Coahuila. jose.puente@uaaan.mx

Se caracterizaron agronómicamente once genotipos de calabaza *Cucurbita moschata* (Duchesne ex Lam.) originarios de Japón, Brasil y Francia, bajo condiciones de riego por goteo y acolchado plástico, con el propósito de verificar su variabilidad, seleccionar y caracterizar plantas adaptadas al clima semidesértico de la Comarca Lagunera. Se evaluó: longitud de entrenudos (cm), longitud de pedúnculo (cm), largo del fruto (cm), ancho del fruto (cm), espesor de la pulpa (cm) y espesor de la piel (mm), diámetro de cavidad (cm), número de semillas por fruto (n°), peso del fruto (kg) y peso de 100 semillas (g); en un diseño bloques completos al azar. Musquee de Provence presentó el valor más alto para espesor de la pulpa 6.53, número de semillas por fruto 501.33, peso del fruto 7.8 y peso de 100 semillas 22.66. Kikuza presentó los valores más bajos para espesor de la pulpa 3.68, número de semillas por fruto 193.33, peso del fruto 0.95 y peso de 100 semillas 5.16. Thai Large Pumpkin presentó valores altos en peso de 100 semillas 22.16 y los más bajos en peso del fruto 2.52. Thai Small Pumpkin presentó valores altos en espesor de la pulpa 5.36 y número de semillas por fruto 467.0 pero bajos en peso del fruto 3.61 y peso de 100 semillas 16.0. Thai Kang Kob Pumpkin presentó valores altos para espesor de la pulpa 4.89, número de semillas por fruto 473.0, peso de 100 semillas 14.33 bajo el peso del fruto 2.86. Seca presentó el valor más alto en el número de semillas por fruto 505.67, valor alto en el peso del fruto 5.42 y peso de 100 semillas 12.16, y bajo en espesor de la pulpa 2.85. Shishigatani, Black futsu, Pira Moita, Mini paulista y Menina brasileira presentaron los valores más bajos en las todas las variables evaluadas. Los resultados muestran una amplia variabilidad genotípica en los materiales evaluados, constituye una población genética importante con propósitos de iniciar selección recurrente en la mejora de caracteres cuantitativos.

ACTIVIDAD GENOTÓXICA DEL GLIFOSATO EN NÚCLEOS DE *Tradescantia*

Alvarez-Moya C*

Laboratorio de Genética, Depto. de Biología Molecular y Celular, Universidad de Guadalajara. Km 15.5 Carretera a Nogales, Zapopan Jalisco, México. Teléfono/Fax: 36820073. Correo Electrónico: calvarez@cucba.udg.mx

Aunque la toxicidad del glifosato en plantas haya sido completamente definida, la actividad genotóxica específica ha sido menos estudiada y es menos conocida. Según algunos reportes, el glifosato no es tóxico para peces, pájaros y mamíferos (incluyendo humanos). Sin embargo, existen serias contradicciones relacionadas con su genotoxicidad. Evaluar la actividad mutagénica del glifosato mediante la prueba tradicional de *Tradescantia* (clon 4430), así como en la prueba del cometa aplicada a núcleos de células estaminales de *Tradescantia in vivo* e *in vitro* y en linfocitos humanos. Se emplearon: a) la prueba de mutación rosa en *Tradescantia*; b) prueba del cometa en los núcleos de los pelos estaminales (*in vivo*: cortes de la planta fueron sumergidos en diferentes concentraciones de glifosato durante 3 horas, después de este tiempo, los cortes se lavaron y se dejaron durante 10 días, al final de los cuales se procedió a realizar la obtención de núcleos); c) prueba del cometa en los núcleos de los pelos estaminales de plantas no expuestas (prueba *in vitro*: los núcleos de plantas no expuestas se sometieron directamente al efecto de las diferentes concentraciones del glifosato). La prueba de mutación rosa no detectó actividad genotóxica, en cambio, con la prueba del cometa *in vivo* e *in vitro* se observó actividad mutagénica. Aunque la prueba mutación rosa no detectó daño genético inducido por el glifosato se debe mencionar que a las concentraciones utilizadas se induce la aclaración de las células y hace muy difícil la distinción entre células rosas y azules; en otras palabras este sistema resulta poco confiable. Los resultados de las pruebas en las que se empleó el cometa sugieren que glifosato efectivamente tiene actividad mutagénica, pero su detección depende del tipo de sistema empleado.

EVALUACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD DEL RESVERATROL EN SMART EN ALA DE *Drosophila melanogaster*

García-Pacheco MA, Gómez-López SP, Durán-Díaz A, Santos-Cruz LF, Heres-Pulido ME y Dueñas-García IE*

Laboratorio de Genética Toxicológica. Facultad de Estudios Superiores Iztacala. Av. De los Barrios no. 1 Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla Edo. de México. iduenasg@gmail.com

El resveratrol (3,4',5-trihidroxiestilbeno) se encuentra en las partes leñosas del pino y la vid; en frutos secos como nueces, cacahuates, así como en la piel de las uvas y en el vino tinto. Se asume que este polifenol, es un potente antioxidante y que presenta efectos quimioprotectores, aunque también se han demostrado, en diferentes bioensayos *in Vitro*, efectos genotóxicos, citotóxicos y apoptóticos. Se evaluó el efecto del resveratrol *in vivo* utilizando SMART en alas de *Drosophila melanogaster*. Machos *mwh/mwh* fueron cruzados con hembras *flr3/TM3,Bd^S* y *ORR(1);ORR(2);flr³/TM3,Bd^S* para obtener las cruas Estándar (CE) y de Bioactivación Elevada (CBE) respectivamente. Larvas de 72±4h fueron alimentadas crónicamente con *trans*-resveratrol (2.5, 5, 10, 20 y 40µg/ml) disuelto en etanol 1% (testigo solvente), agua miliQ (testigo negativo) y dimetilnitrosamina (0,076mM) (testigo positivo). Todos los tratamientos se realizaron por triplicado en tres experimentos independientes. Se revisaron las alas con fenotipo silvestre de 960 individuos y los resultados se analizaron con el programa estadístico SMART PC-versión 2.1. En la CE el resveratrol (RES) presentó efectos genotóxicos (EG) sin relación concentración-respuesta, siendo la concentración de RES(2.5 µg/ml) la que mostró mayor EG, en RES(5 µg/ml) la frecuencia de manchas grandes disminuyó hasta cero; en RES(10 µg/ml) se observó EG para manchas grandes, RES(20 µg/ml) presentó EG para manchas pequeñas y RES(40 µg/ml) no presentó diferencias significativas con respecto al testigo negativo. Por el contrario en la CBE en general se observó una disminución en la frecuencia de manchas con respecto al testigo disolvente, siendo ésta estadísticamente significativa para manchas pequeñas en RES(10 µg/ml) y RES(40 µg/ml). Las diversas respuestas encontradas, en las diferentes concentraciones de RES utilizadas, pueden ser evidencia de que este compuesto actúa sobre distintas vías celulares o moléculas blanco. De igual manera, las diferencias encontradas entre las cruas pueden ser debidas a los niveles de CYP450 presentes en éstas. Se recomienda realizar más ensayos *in vivo* para poder comprender la forma en cómo se comporta el RES dependiendo de las vías que toma y/o sus moléculas objetivo.

VARIABILIDAD GENÉTICA DETECTADA A NIVEL MOLECULAR EN UNA POBLACIÓN DE MAMEY SAPOTE (*Pouteria sapota* (JACQ.) H. E. MOORE & STEARN) EN EL MUNICIPIO DE COMALA, COLIMA

Rodríguez-Gaytán MA², Medina-Urrutia VM¹ y Torres-Morán MI*¹

¹Estudiante de la Licenciatura en Biología de la Universidad de Guadalajara. tmm08531@cucba.udg.mx ²Departamento de Producción Agrícola. Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias. Universidad de Guadalajara. KM 15.5 Carretera a Nogales, Predio las Agujas, Zapopan, Jalisco México

El mamey es una especie de importancia alimenticia y cultural en zonas de América tropical y sureste de los Estados Unidos. En México, la información acerca de la condición genética de las poblaciones de mamey es escasa. Se cuentan con algunos estudios de índole morfológica, que si bien son útiles presentan una serie de inconvenientes, como la susceptibilidad de ser afectados por el ambiente y el tiempo que se requiere para observar dichas variables. Trabajos previos utilizando el marcador AFLP (Amplified Fragments Length Polymorphism) reportan el estado genético de poblaciones de un banco de germoplasma en Florida, EU. El objetivo de éste trabajo es evaluar la variabilidad genética presente en una población comercial de mamey en el municipio de Comala, Colima usando los marcadores ISTR (Inverse Sequence Tagged Repeat). Se usaron 30 plantas para el estudio, de los cuales 16 fueron árboles adultos y 14 plántulas. El material vegetal consistió en tejido foliar joven colectado en la plantación. Se extrajo el ADN para posteriormente ser evaluada la calidad e integridad de la molécula por gel de agarosa y cuantificación por espectrofotometría. Se realizó la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR). La reacción se llevó a cabo utilizando iniciadores ISTR. Se separaron los fragmentos obtenidos en geles de poliacrilamida 6%. En base a las bandas obtenidas se elaboró una matriz binaria (presencia-ausencia) se efectuó un análisis de similitud usando el coeficiente de Jaccard y el análisis de Agrupamiento UPGMA contenidos en el programa NTSyS versión 2.2, se presentan los resultados en un dendrograma. El análisis de estructura genética fue usando el programa STRUCTURE. Se detectó una alta variabilidad genética en las plantas analizadas, el coeficiente de Jaccard muestra una división principal en 0.36, además separó en grupos los individuos adultos y las plántulas, y mostrar asociaciones entre algunos adultos y plántulas. El análisis de estructura genética mostró la formación de ocho grupos que discriminan entre plántulas y adultos.

EL PAPEL DEL POLIMORFISMO DE CCL-18 EN LA EXPRESIÓN DE Th2 Y GENERACIÓN DE ANTICUERPOS EN DENGUE

Contreras Huerta S*, Méndez Pérez A y Cuatoche Jaen ZV

Departamento de Patología Experimental. Facultad de Medicina Xalapa, Universidad Veracruzana

El dengue es una enfermedad infecciosa aguda de etiología viral, transmitida por *Aedes aegypti* en donde el único reservorio del virus es el hombre. Es un problema de salud en países centroamericanos. El presente trabajo propone el polimorfismo de CCL-18 como método para validar la expresión de Th2 en la creación de anticuerpos en Dengue Hemorrágico (DH) y Clásico (DC). CCL-18 es una proteína involucrada en procesos inmunológicos y de inflamación, muestra actividad quimiotáctica con linfocitos T, linfocitos B, macrófagos, monocitos, células plasmáticas, células dendríticas y NK. La región rs2015086 es promotora de CCL-18 propia en sujetos con genotipo A/G, (heterocigoto), está asociada con una mayor expresión de genes CCL-18 en macrófagos. Se realizó el polimorfismo de CCL-18 (rs2015086) en 50 muestras de sangre diagnosticadas como dengue y 13 controles sanos. Se aisló DNA y amplificó la región rs2015086 por PCR, con la enzima ExoI se efectuó el polimorfismo de dicha región y los productos se analizaron en agarosa al 1.5%. En la amplificación de la región rs2015086, se observó positividad en todos los grupos. En el estudio polimórfico los tres grupos expresaron un genotipo Homocigoto (C/C) de carácter normal. Se considera que en la región del genoma debe haber cambio en relación a DC, donde el exceso de inmunoglobulina no depende de la región promotora, en unos casos la región promotora tiene respuesta de inmuno-competencia innata IgG 1, 3 elevada ya que los anticuerpos solubles muestran 2 regiones alfa y beta así como Fc 2 activado en plaquetas y endotelio. En síntesis, se buscaban cambios clínicos en la región del genoma entre DC y DH, para conocer si la respuesta estaba mediada por mecanismos de inmunidad innata a través de anticuerpos fijos que inducen y aceleran antígenos Th2 (CCL-18 se genera por consecuencia de IL4). Se concluyó que la estructura de la región promotora que expresa la cantidad de síntesis de CCL-18 no es significativa y es igual a los testigos por lo tanto los cambios ocasionados en DH son propios de una inmunidad adquirida y CCL-18 forma parte fundamental de la inmunidad innata.

ASOCIACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS *TaqI* Y *ApaI* DEL GEN *VDR* SOBRE LAS CONCENTRACIONES SÉRICAS Y ACCIONES METABÓLICAS DE LA OSTEOCALCINA EN PACIENTES CON DIABETES MELLITUS TIPO 2

^{1,3}Rivera-León EA, ^{2,3}Palmeros-Sánchez B, ^{1,3}Llamas-Covarrubias IM, ^{2,3}Fernández MS y ^{1,3}Sánchez-Enríquez S*

¹Laboratorio de Bioquímica, Departamento de Biología Molecular y Genómica, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Sierra Mojada 950 Col. Independencia Guadalajara, Jal. ²Laboratorio de Toxicología, Facultad de Biología *campus* Xalapa, Universidad Veracruzana. Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, Xalapa, Ver. ³Red Investigación bioquímica, molecular y celular de la interacción de genes y sus productos de expresión en los sistemas biológicos. *serlucis@hotmail.com

La diabetes mellitus tipo 2 (DM2) es una enfermedad crónico-degenerativa cuya incidencia en aumento la ha convertido en un problema de salud pública. La Osteocalcina (Oc), producida por los osteoblastos, es la proteína no colagínica más abundante de la matriz ósea. En 2007, Lee y cols. demostraron que el metabolismo óseo y el energético interactúan a través de la Oc; la forma no carboxilada de esta proteína aumenta la proliferación de las células β , la expresión y secreción de insulina, y aumenta la expresión y secreción de adiponectina en los adipocitos. El gen *VDR* que codifica el receptor de vitamina D (VDR) presenta diversos polimorfismos, como: *TaqI* ó sustitución de T/C en el codón 352 del exón IX; y *ApaI* situado entre el exón VIII y IX. Se ha descrito que la presencia del sitio de restricción *TaqI* muestra un desequilibrio de ligamiento significativo con el polimorfismo *ApaI*. La Oc está codificada en el gen *BGLAP*, el cual tiene un sitio de unión al VDR denominado elemento de respuesta al receptor de vitamina D, que funciona como potenciador de la transcripción. En este estudio se analizó la asociación de los polimorfismos *TaqI* y *ApaI* del gen *VDR* con las concentraciones séricas de Oc y parámetros bioquímicos y antropométricos en pacientes con DM2. Los pacientes y el grupo control se valoraron clínicamente y nutricionalmente. A partir de muestras de sangre periférica se realizó el análisis bioquímico y en suero se cuantificaron: Glucosa, colesterol total, c-HDL, c-LDL, c-VLDL, triglicéridos y HbA_{1c}. Los niveles de Oc carboxilada, Oc no carboxilada e Insulina se cuantificaron por ELISA. Adicionalmente, el análisis molecular o genotipificación por medio de PCR-RFLP's se realizó a partir del DNA cromosómico extraído de linfocitos. Se registraron y analizaron los parámetros bioquímicos y genotípicos de 250 pacientes, 125 con DM2 y 125 'sanos'. Se encontraron diferencias significativas en los niveles de glucosa, Insulina, HOMA-IR y Oc, aportando evidencias de una asociación significativa entre la OCc y los tres genotipos del polimorfismo *TaqI*, lo que nos sugiere que este polimorfismo afecta las concentraciones séricas de Oc en los pacientes con DM2.

GENOTIPOS DEL VIRUS DEL SÍNDROME DE LA MANCHA BLANCA AISLADOS DE CAMARÓN BLANCO (*Litopenaeus vannamei*) EN DIFERENTES CICLOS DE CULTIVOS EN GRANJAS DE SONORA, MÉXICO

González Galavíz JR, Rodríguez Anaya LZ, Molina Garza ZJ, Ibarra Gámez JC y Galavíz Silva L

Universidad Autónoma de Nuevo León, Instituto Tecnológico de Sonora

La camaronicultura es una actividad sustentable por la derrama económica en los núcleos poblacionales de las zonas costeras y por la generación de divisas para el país, por ser un producto de exportación; de los ciclos de cultivos de camarón 2005-2009 se obtuvo una producción promedio de 85000 toneladas en el estado de Sonora, sin embargo, las epizootias a causa del virus del síndrome de la mancha blanca (WSSV) esta producción se vio afectada en los ciclos 2010-2011 obteniendo menos del 50% en producción. Por eso es necesario caracterizar genéticamente al virus para conocer la evolución y adaptación del virus, estudiando y analizando los genotipos presentes en los diferentes ciclos de cultivo. Se realizaron muestreos en granjas de 11 juntas locales de producción acuícola de Sonora (JLPAS), en las cuales hubo presencia de WSSV durante los ciclos de cultivo 2005-2011. De los organismos colectados, se disectaron pleópodos, branquias, tejido muscular y hepatopáncreas, los cuales fueron colocados en frascos con etanol al 70%, para la extracción de ácidos nucleicos, y posteriormente la realización de PCR con los primers ORF94 que amplifican unidades repetidas (UR) en tándem para la comparación de los genotipos del virus. Los productos de PCR que amplificaron con el ORF94 fueron purificados con un kit comercial (Promega, USA). Los purificados fueron enviados a la UNAM para su secuenciación y posterior caracterización genómica. De 77 muestras de 11 juntas locales, 69 amplificaron los primers ORF94. En la caracterización del virus se encontraron genotipos con un rango 1-13 UR y se observaron genotipos >8UR en periodo de no epizootias (2005-2009), mientras que en el período de epizootias (2010-2011) se observaron genotipos <7UR aunque los de 3 UR fueron los más frecuentes. Los resultados obtenidos sugieren que los genotipos con tallas pequeñas de UR son los causantes de epizootias (mortalidades masivas) en cultivos de camarón, sin embargo, es necesario seguir analizando la epidemiología molecular del virus para soportar esta hipótesis.

BASE GENÉTICA DE MAÍZ PARA EL ALTIPLANO POBLANO MEDIANTE EL APROVECHAMIENTO DE LA DIVERSIDAD LOCAL

*López PA, Gil-Muñoz A, López-Sánchez H, Guerrero-Rodríguez J de D, Flores-Pérez L, Ortiz-Torres E, Taboada-Gaytán OR y Hernández-Guzmán JA

Campus Puebla-Colegio de Postgraduados. Km. 125.5 Carretera Federal México-Puebla, Santiago Momoxpan, San Pedro Cholula, Puebla. CP 72760. palopez@colpos.mx

La diversidad genética es materia prima para el mejoramiento genético. En los nichos ecológicos de México se ha generado una amplia variación en las poblaciones nativas o variedades criollas de maíz, esta variación puede ser aprovechada para llevar a cabo programas de fitomejoramiento locales, mejorando el rendimiento de las poblaciones nativas pero conservando la calidad para la aptitud de uso. Este trabajo tuvo como objetivo identificar poblaciones nativas de maíz sobresalientes para formar la-base genética de un programa de mejoramiento genético local en los valles altos de Puebla y Tlachichuca, en el estado de Puebla. En 2010 se evaluaron 31 poblaciones nativas originarias de los valles de Tlachichuca y Puebla, junto con cinco testigos; se estableció un experimento en cada una de tres localidades y se midieron variables de comportamiento agronómico y rendimiento. Las poblaciones evaluadas pertenecen a las razas Chalqueño, Cónico y Cacahuacintle, además de la subraza Elotes Chalqueños, con algunas variantes intermedias entre las razas y subrazas mencionadas. Se identificaron variedades con diferente ciclo biológico, encontrándose poblaciones precoces, intermedias y tardías. La coloración del grano fue otro criterio de clasificación, encontrándose materiales con grano blanco, amarillo, azul y rojo. Se identificaron materiales sobresalientes en rendimiento y comportamiento agronómico, los cuales igualaron e incluso algunos de ellos superaron en rendimiento a las variedades mejoradas recomendadas para valles altos. Dentro del grupo superior de rendimiento, hubo poblaciones nativas que rindieron desde 1 ton ha⁻¹ en la localidad menos favorable, hasta poblaciones con más de 8 ton ha⁻¹ en la localidad favorable, lo cual denota el potencial de rendimiento. En relación con la interacción con el ambiente, las poblaciones nativas de maíz mantuvieron un comportamiento sobresaliente en rendimiento a través de localidades, esto puede interpretarse como una mayor estabilidad de las mismas. Se concluye que en los valles de Puebla y Tlachichuca, en el estado de Puebla existe un alto potencial de rendimiento entre los maíces criollos, el cual puede aprovecharse para llevar a cabo un programa de mejoramiento genético local por medio de la selección.

DETECCIÓN DE MUTACIONES EN EL GEN DE LA BETA GLOBINA EN PACIENTES DONADORES DE SANGRE

Contreras Huerta S*, Méndez Pérez A¹ y Hernández González E²

Departamento de Patología Experimental. Facultad de Medicina Xalapa, Universidad Veracruzana

Las hemoglobinopatías son un grupo heterogéneo de enfermedades hereditarias recesivas, fueron las primeras estudiadas a nivel molecular y utilizadas para desarrollar técnicas de detección de mutaciones. Actualmente PCR, dot blot, ARMS, electroforesis y RFLP; se utilizan para diagnosticar mutaciones en el gen de beta globina. La técnica de PCR permite realizar el estudio diagnóstico desde las primeras 18-20 semanas de vida. El presente trabajo tiene la finalidad de identificar mutaciones en el gen de la beta globina que conducirán al diagnóstico de hemoglobinopatías que cursen desapercibidas. Hospitales públicos y clínicas privadas del país cuentan con banco de sangre, otorgan servicios de transfusión y por norma oficial realizan valoración de los donadores mediante historia clínica, estudio hemático y serología. Pese a contar con el visto bueno de todos estos filtros, ningún laboratorio realiza la búsqueda de hemoglobinopatías, que en ciertos casos pueden causar un problema mayor a los pacientes receptores de donación. Se realizó la búsqueda de mutaciones en el gen de beta globina en 200 donadores de banco de sangre de hospitales de Xalapa. Se aisló DNA y se amplificó por PCR múltiple el gen de beta globina con iniciadores para B^S, B^E, B^D B⁰. Posteriormente se efectuó restricción con las enzimas DdeI y EcoRI. Los productos amplificados se analizaron en agarosa al 2% teñido con bromuro de etidio. En la identificación de mutaciones el 26% tuvo amplificación (18% B^S y 8% B⁰). En la restricción el 5% de los casos con B^S son homocigotos SS y 13% heterocigoto AS. Por su parte B⁰ expresó un 2% homocigotos y 6% heterocigotos. El mayor porcentaje de casos estuvo ligado a hemoglobina S, seguido de Beta Talasemia. La aparición de casos supone el posible aumento de portadores en donadores y la posibilidad de causar daños en el receptor posterior a transfusión. Las pruebas utilizadas como filtros en banco de sangre no son 100% confiables, la aparición de donadores con hemoglobinopatías deben fungir como precedente. Se sugiere incluir este procedimiento en la rutina, para identificar más casos de portadores heterocigotos y homocigotos.

DETERMINACIÓN MOLECULAR DE LA FIDELIDAD GENÉTICA EN DOS LÍNEAS DE MAÍZ DESPUÉS DE CICLOS DE AUTOFECONDACIÓN

Rodríguez-Ponce AK, Ron-Parra J y Torres-Morán MI*

Depto. de Producción Agrícola. Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias
CUCBA. Km 15.5 Carretera a Nogales, Predio la agujas, Zapopan, Jalisco, México.
isabel.torres@cucba.udg.mx

Los bancos de germoplasma constituyen una reserva invaluable de la diversidad genética de los cultivos agrícolas y de especies vegetales nativas. El resguardar recursos, proporciona la posibilidad de contar a largo plazo con esa diversidad y por ende usarla como fuente de genes para mejoramiento y uso potencial tanto alimenticio como industrial para generaciones futuras. Por ello, es necesario contar con herramientas que permitan evaluar la fidelidad genética de los materiales que son conservados en dichos bancos. El objetivo del presente trabajo fue analizar, mediante marcadores moleculares ISTR (Inverse Sequence Tagged Repeat) y microsatélites (SSR), la homogeneidad genética de dos líneas de maíz conservadas por autofecundación. Se utilizó material genético que consistió en las líneas puras de maíz CML282 y LUG282 que se mantuvieron por autofecundación durante varios ciclos en el banco de Germoplasma del CUCBA. Se incluyó la línea LUG03 (Línea UdG) como comparación. Después de la germinación de las semillas de los materiales mencionados, se colectó tejido foliar de los individuos y se extrajo el ADN. Posteriormente, se realizó la técnica de PCR para los marcadores moleculares, en el caso de los microsatélites, se utilizó un iniciador para microsatélites ubicados en cada cromosoma del maíz y en el caso del marcador ISTR, se utilizaron dos combinaciones de iniciadores. Los fragmentos amplificados con ambos marcadores, se separaron en geles de poliacrilamida al 6% y se tiñeron con sales de plata para su estudio. Los resultados obtenidos con SSR muestran que existe gran fidelidad genética entre las líneas CML282 y LUG282 aunque fueron detectadas algunas bandas polimórficas en algunos individuos. En lo referente al marcador ISTR se encontró un perfil uniforme en las líneas, dependiendo del iniciador utilizado. La frecuencia de individuos fuera de tipo es mínima en las líneas CML282 y LUG282 ($\approx 7\%$) y se considera que la fidelidad genética fue conservada a lo largo de los ciclos de autopolinización.

EFFECTO INHIBITORIO DEL JUGO DE TORONJA SOBRE LA GENOTOXICIDAD MATERNA Y FETAL PRODUCIDA POR EL CADMIO EN RATÓN

Castro-García SZ, Fabián-Tzompantzi F, ¹Argüelles-Velázquez N, ¹Chamorro-Cevallos G, Álvarez-González I* y Madrigal-Bujaidar E

Laboratorio de Genética, ¹Laboratorio de Toxicología Preclínica, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional. Wilfrido Massieu s/n, Zacatenco, Gustavo A Madero, CP 07738, México D.F. isela.alvarez@gmail.com

El jugo de toronja (JT) ha mostrado en diversas investigaciones ser un agente antígenotóxico y antioxidante. El presente estudio fue diseñado para investigar su efecto genoprotector en ratones gestantes y en los fetos, tratados con cadmio. Se utilizaron 8 hembras gestantes por grupo. El testigo negativo se administró diariamente con agua destilada (PO), el testigo positivo se administró con cloruro de cadmio (CC, 1.5 mg/kg) vía IP el día 7 de la gestación; otro grupo recibió JT (32.8 µL/g) diariamente (PO) desde el día cero hasta el 17; en los mismos días, cinco lotes más recibieron JT (4.1, 8.2, 16.4, 24.6 ó 32.8 µL/g respectivamente) más CC (1.5 mg/kg) el día 7 de la gestación. En todas las madres se obtuvieron muestras sanguíneas de la parte terminal de la cola y se sacrificaron el día 17. En cuatro fetos por madre, se realizó una incisión en la aorta para obtener sangre. Con las muestras se realizaron frotis sanguíneos, se fijaron en metanol y se tiñeron con el método de Giemsa. El análisis microscópico consistió en cuantificar el número de eritrocitos policromáticos micronucleados (EPCMN) en 1000 eritrocitos policromáticos, así como los eritrocitos normocrómicos micronucleados (ENCMN) en 1000 eritrocitos normocrómicos. Los resultados mostraron que en las madres, el CC incrementó la frecuencia de MN más 5 veces en ambos tipos de células, con respecto al testigo negativo; en los fetos se observó un incremento similar. Con respecto al grupo tratado con JT (32.8 µL/g), los valores de MN fueron semejantes a los obtenidos en el testigo negativo. Por otro lado, en los grupos tratados con JT más CC, la presencia de MN disminuyó hasta en un 72.28% de manera dosis dependiente. Los resultados expresan visiblemente el potencial protector del JT en la clastogenicidad producida por el CC en las madres y en los fetos, lo cual sugiere la importancia de continuar evaluando la protección gestacional y transplacentaria de los agentes antimutagénicos.

EFECTO DE UNA DIETA HIPOPROTÉICA SOBRE LA EXPRESIÓN DEL CYP1A1 HEPÁTICO

García-Ginez G, Hernández-Ojeda SL, Camacho Carranza R y Espinosa-Aguirre JJ*

Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental. Instituto de Investigaciones Biomedicas UNAM. Circuito Mario de la Cueva S/N., Ciudad Universitaria. CP. 04510, México, D.F. Teléfono: (5255) 56229214. jjea99@gmail.com

La malnutrición es el resultado de una dieta desequilibrada que no contiene los nutrientes requeridos necesarios, se han realizado estudios evaluando el impacto de una malnutrición, sobre las enzimas encargadas del metabolismo de compuestos endógenos, xenobioticos y fármacos, como es el caso de los citocromos P450. Se ha reportado en microsomas de ratas Wistar machos que una dieta hipoproteica (6% caseína) tiene un efecto modulador a la baja de la actividad enzimática de los CYP 1A1/1A2, 2B1/2B2 y 2E1; por otro lado, en un ensayo *in vitro* realizado en células Hepa 1c1c7 transfectadas con pGudLuc6.1 se ha demostrado que el TNF- α suprime a nivel de mensajero el CYP1A1. Por lo cual en este estudio se pretende evaluar los niveles de las citocinas proinflamatorias TNF- α , IL-1 β e IL-6, en ratas tratadas con una dieta hipoprotéica y la posible modulación sobre el CYP1A1. Como estrategia experimental se utilizaron 16 ratas macho Wistar recién destetados, los cuales se dividieron en 2 grupos, constituidos de 8 animales cada uno; el primer grupo consumió una dieta con las niveles nutricionales normales y el segundo grupo con una dieta al 6% de proteína total, al término de 20 días de tratamiento se sacrificaron por dislocación cervical, consecutivamente se disectó el hígado, el cual fue procesado hasta la obtención de la fracción citosólica(S-105) y fracción microsomal. Finalmente para la determinación de la actividad enzimática y cantidad de proteína se utilizó la fracción microsomal y para la determinación de los niveles de las citocinas proinflamatorias se utilizó la fracción citosólica. Como resultados preeliminarios se observó una disminución de su peso corporal del 49% y una modulación a la baja de la actividad enzimática del CYP 1A1 y 2B2.

ACTIVIDAD MUTAGÉNICA DEL EXTRACTO METANÓLICO DE *Heterotheca inuloides* Y DE QT

Reyes-Reyes DG, Hernández-Ojeda SL, Camacho-Carranza R y Espinosa-Aguirre JJ

Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental-Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM. Circuito Mario de la Cueva S/N., Ciudad Universitaria. CP. 04510, México, D.F. Teléfono: (5255) 56229214. jjea99@gmail.com

Heterotheca inuloides (árnica) es una planta utilizada en medicina tradicional por la población mexicana. Su uso se debe a sus propiedades analgésicas, antiinflamatorias y antimicrobianas, además de ser de bajo costo y fácil accesibilidad. Un estudio reciente de *Heterotheca inuloides*, indica que los extractos acetónico y metanólico de esta planta poseen capacidad hepatoprotectora. Dicho trabajo mostró que el extracto metanólico presenta un mejor efecto protector que el extracto acetónico. Por otro lado, la quercetina (QT) compuesto mayoritario del extracto metanólico, presenta la capacidad para atrapar especies reactivas de oxígeno (ROS), siendo uno de los principales compuestos que le confiere al extracto propiedad de protección contra la hepatotoxicidad. Sin embargo, además de evaluar sus efectos benéficos se deben de abordar sus posibles efectos adversos que incluyen entre otros, las propiedades mutagénicas de la planta. En este estudio se evaluó la actividad mutagénica y posible efecto antimutagénico del extracto metanólico de *Heterotheca inuloides* y de quercetina (QT) mediante la prueba de Ames. Los ensayos de mutagenicidad se realizaron en la cepa TA98 de *Salmonella typhimurium*, en las concentraciones de 150 a 800 µg/placa para el extracto metanólico y 2 a 10 µg/placa de QT. Todos los ensayos se realizaron por triplicado en presencia y ausencia del sistema enzimático (S9) obtenido de hígado de ratas tratadas con fenobarbital (FB) y beta-naftoflavona (β-NF). Los ensayos de antimutagenicidad se realizaron por el tratamiento simultáneo del extracto o la QT y el mutágeno benzo[a]pireno (BaP). Tanto el extracto metanólico y la QT presentaron un efecto mutagénico dependiente de la concentración. Por otro lado en el ensayo de antimutagénesis, el extracto metanólico (150, 250 y 500 µg/placa) y la QT (2 µg/placa) fueron capaces de inhibir la actividad mutagénica del BaP. Los resultados muestran una dualidad en los efectos mostrados tanto por el extracto metanólico, como por la quercetina.

CARACTERIZACIÓN Y ACTIVIDAD RECOMBINOGÉNICA DE MUTÁGENOS EN LAS CEPAS *yafE* Y *fliK* DE *Salmonella typhimurium* LT2

Hernández-Guadarrama BE, Espinosa-Aguirre JJ, Hernández-Ojeda SL y Camacho-Carranza R*

Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental. Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM. Circuito Mario de la Cueva S/N., Ciudad Universitaria. CP. 04510, México, D.F. Teléfono: (5255) 56229214. rcamacho@biomedicas.unam.mx

Salmonella typhimurium (*Sty*) y *Escherichia coli* (*E.coli*) poseen un genoma casi idéntico (sintenia), a pesar de 150 millones de divergencia evolutiva. Lo anterior, evidencia la existencia de sistemas adicionales a los de reparación del DNA, que estabilizan el genoma y pudieran estar evolutivamente conservados. La pérdida de sintenia es ocasionada por la formación de rearrreglos genómicos, principalmente inversiones. En el genoma de *Sty* se han descrito regiones en las cuales, secuencias repetidas invertidas pueden recombinar para formar inversiones, pero existen otras, como el intervalo *histidina-triptófano* (*his-trp*) prohibidas para recombinación. Sin embargo, la mutación del gen *tus*, involucrado en replicación, lo hace permisivo. Utilizando este modelo, se generaron mutantes por transposición, en las cuales la restricción para la inversión en *his-trp* fue liberada, en *tus*⁺. Los genes candidatos de este fenotipo son *yafE* y *fliK*; *yafE* codifica para una metiltransferasa en la síntesis de menaquinona y *fliK* controla la longitud del flagelo. El objetivo de este proyecto es evaluar en estas mutantes el efecto de compuestos mutagénicos en las frecuencias de inversión, un evento que involucra recombinación y replicación. Los mutágenos empleados fueron metilmetanosulfonato (5.9 µmol/placa), etilmetanosulfonato (18.4µmol/placa), 9-aminoacridina (20µg/ml) y benzoapireno (10µg/placa) con y sin activación metabólica (S9 al 10%), los cuales dañan directa e indirectamente el DNA. Las dosis empleadas fueron similares a las reportadas para la prueba de Ames. Los resultados mostraron que MMS, EMS y 9AA aumentan las frecuencias de inversión en las cepas *yafE* y *fliK*; sin embargo en la mutante *fliK* expuesta a MMS, el incremento fue de tres órdenes de magnitud, comparada con la silvestre. Debido a lo anterior, decidimos evaluar la exposición de la cepa *fliK* con B[a]p (con y sin S9). Se observó un aumento en las frecuencias de inversión similar en ambos tratamientos, comparado con la silvestre. Sin embargo, la mezcla de B[a]p con S9 induce un porcentaje mayor de eventos de inversión estables (22%) (sin S9, 8%). En conclusión, los mutágenos empleados afectan procesos de recombinación y replicación en las cepas empleadas; sin embargo, la cepa *fliK* podría ser empleada para monitorear compuestos mutagénicos de distinta acción en el DNA.

EFFECTOS DEL EXTRACTO HIDROALCOHÓLICO OBTENIDO DE *Thalassia sp.* SOBRE EL SISTEMA DE ENZIMAS DEL P450 EN RATAS WISTAR

Rodeiro-Guerra I¹, Hernández-Ojeda SL², Olguin-Reyes S², García-Ginez G², Cruz-Eguia-Lis A y Espinosa-Aguirre JJ²

¹Departamento de Farmacología, Centro de Bioproductos Marinos, Agencia de Medio Ambiente. Loma y 37, Vedado, La Habana, Cuba. ²Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Molecular, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM. Circuito Mario de la Cueva S/N, Ciudad Universitaria. CP. 04510, México, D.F. Teléfono: (5255) 56229214. rodero@infomed.sld.cu, jjja99@gmail.com

Los productos naturales con propiedades terapéuticas han sido ampliamente utilizados en la medicina tradicional. Una fuente útil aún no explorada suficientemente son los organismos marinos que cuentan con un número diverso de moléculas con importantes potencialidades terapéuticas. De las hojas secas de la fenograma marina *Thalassia testudinum*, que constituye el pasto marino de mayor abundancia en el litoral de Ciudad Habana, ha sido obtenido y estandarizado un extracto con propiedades antioxidantes, neuroprotectoras y hepatoprotectoras. Sin embargo, el uso de los productos naturales con postulados terapéuticos debe sustentarse en un conocido balance riesgo-beneficio. El sistema de citocromos del P450 (CYP) constituye una superfamilia de enzimas localizadas fundamentalmente en el hígado, pero también en otros tejidos como intestino, riñones, cerebro, entre otros. Estas enzimas son las encargadas de la biotransformación de numerosos compuestos endógenos y xenobioticos dentro de los que se incluyen diferentes mutágenos ambientales y fármacos. En el presente trabajo se estudiaron los posibles efectos del extracto sobre la actividad de diferentes isoenzimas del P450 en microsomas obtenidos del hígado de ratas Wistar machos tratados durante 10 días con dosis orales de 20, 200 y 400 mg/kg. Además, fue administrado un grupo de animales que solo recibieron el vehiculo (H₂O) en el que se prepararon las disoluciones del producto. Como resultados se demostró un efecto modulador dosis dependiente del extracto sobre el sistema del P450, específicamente, se evidenció un aumento significativo en la actividad de las isoformas CYP1A1 y CYP1A2. Estas constituyen las primeras evidencias experimentales *in vivo* acerca de los efectos del extracto de *Thalassia testudinum* sobre el sistema del P-450, lo que podría resultar de gran relevancia debido al papel que juegan estos sistemas enzimáticos en el metabolismo de los fármacos y en la bioactivación de mutágenos y carcinógenos en el organismo.

EFFECTO DE LA AZIDA DE SODIO EN EL DESARROLLO Y CONDUCTA DE *Drosophila melanogaster*

Martínez Ledezma KI y Ramos-Morales P*.

Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental. Departamento de Biología Celular. Facultad de Ciencias. UNAM. Coyoacán, México DF. mantabirostris2009@hotmail.com

En general, los efectos de los genotóxicos se ubican en la calidad, integridad y expresión del material hereditario de los organismos. En ocasiones la exposición a genotóxicos no resulta en cambios cuantitativos y significativos, es interesante explorar si la exposición a éstos pudiera alterar pautas conductuales características de los organismos y con ello, su probabilidad de éxito reproductivo. Los biomarcadores basados en pautas conductuales complementan el estudio de los efectos de los genotóxicos en los organismos expuestos. Un mutágeno potente es Azida de Sodio, un veneno metabólico que atrapa el oxígeno excitado, por lo que interfiere con la actividad de diversas enzimas, induce rompimientos en células de mamífero *in vitro* y en las moscas del vinagre induce recombinación mitótica en células somáticas, como respuesta al rompimiento cromosómico y se ha observado un aparente retraso en la metamorfosis. En este trabajo se evaluó el efecto de concentraciones subletales de NaN_3 en el tiempo de formación del adulto y en su conducta. Larvas silvestres, de tercer estadio se expusieron a diluciones sucesivas de 0.125 a $1.80\text{E-}13\text{mM}$ y se contabilizó diariamente (por 5 días) el número de adultos a partir del día 10 del desarrollo. El efecto en la conducta entre organismos que emergieron sin atraso (SA) y con atraso (A) se determinó al hacerlas pasar de un tubo homeopático a otro a través de un canal de 6 mm de diámetro. Por cada dilución y por experimento se siguieron 20 organismos incluyendo el testigo. Los resultados mostraron que el tratamiento sí provoca retraso en el desarrollo de las moscas expuestas. El desempeño de las moscas testigo y expuestas también fue diferente ya que los organismos expuestos tuvieron un mejor desempeño, evaluado por el número de moscas que atravesó de un tubo al otro, excepto en la concentración mayor. El mejor recorrido se obtuvo en las moscas tratadas con $1.46\text{E-}11$ de NaN_3 . Nuestros resultados muestran que la exposición a genotóxicos debe ser evaluada en diversas variables de respuesta que pueden ser de relevancia para la sobrevivencia de los organismos expuestos y su descendencia. Agradecimientos: al Banco de Moscas, Facultad de Ciencias, UNAM.

ANÁLISIS DEL CÓDIGO H3K27me3 Vs H3K27Ac EN SECUENCIAS PROMOTORAS DE LA REGIÓN 7P21.1 EN PACIENTES CON CÁNCER PULMONAR

Gómez Ibarra S^{1,2}, Armas-López L^{1,2}, Peralta-Álvarez C^{1,2}, Ortiz-Quintero B², Urrea-Ramírez FJ², Piña-Sánchez P³ y Ávila-Moreno F*^{1,2}

¹Laboratorio 12, Unidad de Investigación en Biomedicina (UBIMED), FES-Iztacala, UNAM; ²Unidad de Investigación, Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias (INER); ³Unidad de Investigación Médica en Enfermedades Oncológicas, UIMEO. CMN-XXI, IMSS. México, D.F. avilamore@hotmail.com

El cáncer pulmonar, es la primera causa de muerte a nivel mundial. Por lo que, se ha desarrollado el estudio del código de histonas involucrado en los niveles de expresión genética de marcadores tumorales regulados epigenéticamente, que permite explicar o predecir la progresión y pronóstico de las enfermedades neoplásicas pulmonares. Basado en lo anterior, el análisis del balance en el código de histonas H3K27Ac vs H3K27me3, directamente relacionado con el control de regiones promotoras de blancos génicos, permitirá determinar su responsabilidad en el desarrollo y evolución clínica de pacientes con cáncer pulmonar. Para ello, se propone el estudio de regiones promotoras de potenciales marcadores de progresión histopatológica pulmonar entre ellos *EVX1*, *EVX2*, *MEOX2*, *TWIST-1* y *AhR*; así como determinar su posible asociación con exposición a factores de riesgo ambiental. Se utilizaron muestras de tejido neoplásico pulmonar con diagnóstico definitivo tipo Adenocarcinoma. A partir de ellas, se llevó a cabo la técnica de inmunoprecipitación de la cromatina "ChIP", se verificó la calidad del DNA-Inmunoprecipitado (DNA-IP) y posteriormente, los DNA-IP de pacientes fueron amplificados y re-amplificados mediante métodos lineales de amplificación del genoma WGA1-3. Posterior a ello, análisis de qPCR sobre las regiones promotoras permitió establecer la posible asociación del código de histonas con la exposición a factores de riesgo ambiental. El análisis cuantitativo evidenció la presencia de la marca histónica H3K27me3 sobre genes Hox-relacionados *MEOX2*, *EVX1* y *EVX2*, en ambos grupos de pacientes, siendo mayor dicha marca histónica en pacientes con exposición a humo de leña. Mientras que la región promotora de *TWIST-1* poseen una marca histónica mayoritariamente H3K27Ac, en ambos grupos de pacientes. Dichos resultados sugieren que la regulación de *TWIST* como gen involucrado en la invasión y metástasis, no es dependiente de su relación a factores de riesgo ambiental. Por otro lado *AhR* y *C-FOS*, no muestran diferencias importantes. Con lo anterior, podemos concluir que los factores de riesgo ambientales como el humo de leña promueven de forma importante alteraciones a nivel transcripcional, en genes Hox involucrados al desarrollo del cáncer pulmonar, mientras que genes de invasión y metástasis son independientes a dicho factor de riesgo ambiental.

DETECCIÓN DEL VIRUS DEL PAPILOMA HUMANO EN BIOPSIAS DE TUMORES MAMARIOS

Torres-Orozco RE¹, Díaz Hernández L¹, Gómez Corvera A², Hernández Barrales M^{1,2}, López Saucedo A^{1,3} y Ayala Luján JL*^{1,2}

¹Laboratorio de Patología y Diagnóstico Molecular, ²Unidad Académica de Ciencias Químicas, ³Unidad Académica de medicina Humana, Universidad Autónoma de Zacatecas, Área de Ciencias de la Salud, Campus UAZ Siglo XXI lpdmuaz@hotmail.com

El cáncer de mama es el tipo de cáncer más frecuente en mujeres en el mundo. En México, es la segunda causa de muerte en edades de 30 a 54 años, en mujeres es la primera causa de mortalidad por tumores malignos. La etiología del cáncer de mama sigue siendo desconocida, sin embargo, se han asociado factores de riesgo como antecedentes familiares, uso de hormonas, dieta, tabaquismo y consumo de alcohol. La infección viral como factor etiológico se ha abordado en varios estudios, especialmente la infección con el virus Epstein-Barr, el equivalente humano al virus de tumor mamario murino y el Virus del Papiloma Humano (VPH), sin embargo, los resultados han sido controversiales y aún no concluyentes. Actualmente, se ha reconocido que la infección por el VPH de alto riesgo es un factor de riesgo importante para diversos tipos de cáncer, incluyendo cervicouterino, colorectal, de cabeza y cuello, oral, nasofaríngeo, laríngeo y de esófago. Estudios recientes han reportado que aproximadamente el 50% de los casos de cáncer de mama son positivos a VPH, mientras otros estudios reportan resultados negativos. Considerando los reportes controversiales en la participación del VPH en cáncer de mama, el objetivo de este estudio es determinar la presencia de VPH en biopsias de tumores mamarios de un grupo de mujeres del Estado de Zacatecas. En este trabajo describimos el análisis de las primeras 51 muestras de tejidos fijados en formol/PBS, incluidos en parafina y analizadas histopatológicamente. La detección del ADN viral se realizó amplificando una región conservada del genoma de VPH por medio de una modificación Touchdown de la PCR utilizando oligos genéricos GP5+/GP6+, que detectan un amplio espectro de tipos de VPH oncogénicos y no oncogénicos. Los productos de amplificación fueron visualizados en geles de agarosa. La presencia de ADN de VPH se identificó en el 25.5% (13/51) de las muestras de tejidos mamarios de nuestro grupo de estudio, estos resultados sugieren que la presencia del VPH puede infectar el epitelio mamario y tener un papel importante en el mecanismo de la patogénesis en cáncer de mama. Agradecimientos: Proyecto apoyado por PIFI-UAZ ACS 2010.

IDENTIFICACIÓN DE MAMOGLOBINA COMO MARCADOR MOLECULAR ALTERNATIVO EN BIOPSIAS DE MAMA Y SU RELACIÓN CON EL ESTADIO DE LA ENFERMEDAD

Díaz Hernández L^{1,5}, Hernández Barrales M^{2,5}, Presno Bernal M⁴, Gómez Corvera A², López Saucedo A^{3,5} y Ayala Luján JL^{*2,5}

Unidad Académica de ¹Ciencias Biológicas, ²Ciencias Químicas, ³Medicina Humana, ⁴Depto. de Anatomía Patológica, IMSS, ⁵Laboratorio de Patología y Diagnóstico Molecular, Área de Ciencias de la Salud, Campus UAZ Siglo XXI, Universidad Autónoma de Zacatecas. lpdmuaz@hotmail.com

El cáncer de mama es la primera causa de muerte por neoplasias malignas en mujeres de edades entre 30 y 55 años. En México se estima que para el año 2020 habrá alrededor de 16 500 casos nuevos. La diversidad histológica y heterogeneidad dificultan el comportamiento clínico de la enfermedad haciéndola poco predecible, por ello, se han establecido marcadores de diagnóstico para su clasificación molecular, como son Receptor a Estrógenos (RE), a Progesterona (RP) y el oncogen HER-2. Los casos donde se desconoce el origen molecular del tumor como en los Triples Negativos en los cuales no hay expresión de RE, RP y HER-2 la búsqueda de nuevos marcadores es de gran utilidad. Mamoglobina es una glicoproteína de 93 aminoácidos homologa a la familia de las secreto-uteroglobinas, cuyo gen está localizado en el cromosoma 11q12-13. La expresión de "Mamoglobina A" es específica del epitelio mamario maduro, su función y la relación con el cáncer aún no son claras, asumiéndose que está involucrada en la regulación y metabolismo de esteroides ENREF 6. En el presente trabajo se diagnosticaron histopatológicamente un total de 53 biopsias mamarias, las cuales fueron analizadas por Inmunohistoquímica utilizando un anticuerpo monoclonal Anti-Mamoglobina de ratón, un anticuerpo secundario biotinilado y streptavidina peroxidada, todas bajo las mismas condiciones usando un control positivo para validar el método. Solo 46 biopsias, cumplieron las condiciones de análisis, de las cuales, 14 (30.46%) expresaron Mamoglobina. La expresión de esta proteína fue heterogénea en diferentes estadios de malignidad, observándose células neoplásicas en un mismo ducto sin expresión de la proteína El diagnóstico histopatológico correspondió en un 14.28 % a carcinomas *in situ*, el 78.57% a carcinoma ductal infiltrante y el 7.14% a hiperplasias. En base a los resultados se propone que la expresión de Mamoglobina aumenta en carcinomas avanzados, donde la incidencia de metástasis es mayor, sugiriendo así que la detección de esta proteína se pudiera utilizar como un marcador diagnóstico temprano y predictivo para el cáncer de mama. Agradecimientos: Proyecto apoyado por PROMEP-UAZ-CA-149 IDCA 6193.

DETECCIÓN DE MUTACIONES DE K-RAS EN BIOPSIAS DE CÁNCER DE MAMA

Rodríguez Juárez CJ^{1,4}, Díaz Hernández L⁴, Torres Orozco RE⁴, Gómez Corvera A¹, López-Saucedo A^{2,4}, Ayala-Luján JL^{1,4} y Hernández-Barrales M*^{1,4}

Unidad Académica de ¹Ciencias Químicas, ²Medicina Humana, ³Depto. de Anatomía Patológica, ⁴Laboratorio de Patología y Diagnóstico Molecular, Área de Ciencias de la Salud, Campus UAZ Siglo XXI, Universidad Autónoma de Zacatecas. pdmuaz@hotmail.com

El cáncer de mama es un problema de salud a nivel mundial por lo que surge la necesidad de desarrollar métodos eficaces para la detección temprana, diagnóstico, evaluación y selección de tratamiento. La enfermedad implica cambios genéticos con la participación de oncogenes y genes supresores de tumores que favorecen el crecimiento de células malignas. Se ha reportado que las mutaciones de los oncogenes *ras* están involucradas en la progresión del cáncer de mama. Las mutaciones en RAS (H-ras, N-ras y K-ras) ocurren en un 20-30% de todos los cánceres. Las mutaciones de K-ras se han identificado en 90% de tumores de páncreas y un 40% en cáncer de colon. Alrededor del 90% de las mutaciones en K-ras se localizan en los codones 12 y 13. En cáncer de mama se han reportado mutaciones en el codón 12 de K-ras con baja frecuencia (<5%) en estadios terminales y en tumores primarios, pero también se ha reportado una incidencia del 12.3% en carcinomas primarios grado II y III. En este trabajo llevamos a cabo la detección de mutaciones en los codones 12 y 13 de K-ras en biopsias de tumores mamarios con fenotipo Triple Negativo (TN). La identificación de las muestras TN se realizó mediante Inmunohistoquímica con anticuerpos específicos para HER-2A, Receptor a Estrógenos y Receptor a Progesterona. Se realizó extracción de ADN genómico de cortes de tejido en parafina, la calidad y pureza del ADN fue probada por PCR para β -globina. Para el análisis de las mutaciones de K-ras se utilizó un LCD-Chip (plataforma CHIPRON) que detecta 6 mutaciones del codón 12 y 3 del codón 13 mediante hibridación de un amplicón biotinilado de K-ras con sondas inmovilizadas en el Chip. Con ésta metodología aún no se han detectado mutaciones de K-ras, sin embargo se identificaron 20 biopsias TN de las cuales 15 fueron carcinomas, la mayoría con grado avanzado. Consideramos que aunque es bajo el número de muestras se logró definir el fenotipo TN, esto es importante ya que para pacientes TN las opciones de tratamiento es limitado. Agradecimientos: Proyecto PROMEP-UAZ-CA-149 IDCA 6193.

IDENTIFICACIÓN DEL SNP DEL CODÓN 72 DE TP53 EN UN GRUPO DE MUESTRAS DE CÉRVIX Y SU RELACIÓN CON VPH

Del Río-Robles JE^{1,2}, Torres Orozco RE, López Saucedo A^{1,4}, Hernández-Barrales M^{1,3} y Ayala-Luján JL*^{1,3}

¹Laboratorio de Patología y Diagnóstico Molecular, ²Unidad Académica de Ciencias Biológicas, ³Unidad Académica de Ciencias Químicas, ⁴Unidad Académica de Medicina Humana, Área de Ciencias de la Salud, Campus UAZ Siglo XXI, Universidad Autónoma de Zacatecas. lpdmuaz@hotmail.com

TP53 codifica el supresor de tumores p53, en este gen se han identificado varios polimorfismos, el más estudiado es el de un solo Nucleótido (SNP) en el codón 72 (exón 4) codificando para Arginina (cgc) o Prolina (ccc). La distribución de los tres genotipos (Arg/Arg, Arg/Pro y Pro/Pro) depende de la población étnica en estudio. Este polimorfismo se ha estudiado en diferentes partes del mundo y se ha relacionado con diferentes tipos de cáncer. La infección por el Virus de Papiloma Humano (VPH) especialmente 16 y 18 ha sido implicada en cáncer cervicouterino. La oncoproteína E6 de VPH de alto riesgo es capaz de unirse e inducir degradación de p53. Se ha reportado que el homocigoto Arg/Arg genera un p53 más susceptible a la degradación de E6 que los homocigotos Pro/Pro o heterocigotos Arg/Pro. La asociación del alelo Arg/Arg con cáncer cervicouterino y la infección con VPH se considera un riesgo genético para el desarrollo de esta neoplasia. En el presente trabajo se recolectaron muestras de sangre periférica de un grupo de individuos para evaluar la frecuencia del SNP y para examinar la predisposición alelo específica con la presencia de VPH, se recolectaron muestras citológicas de cérvix. Se realizó la extracción de DNA genómico de los dos grupos de muestras, las positivas a la amplificación de β -globina se analizaron por PCR-RFLP's. La amplificación de TP53 y el patrón de bandeó obtenido por la enzima *Bst*UI fue analizado en gel de agarosa. Para confirmar los resultados se realizó PCR en Tiempo Real utilizando sondas específicas que detectan de manera diferencial los dos alelos. Las muestras de cérvix también se analizaron por Captura de Híbridos II para la detección de VPH. Los resultados de los PCR-RFLP's y de PCR Tiempo Real de muestras de sangre periférica (grupo control) presentaron genotipos con un 61% Arg/Arg, un 32% de Arg/Pro y un 17% Pro/Pro. En las muestras de cérvix el 55% presentó Arg/Arg, el 39% Arg/Pro y 6% Pro/Pro. Estos resultados muestran que el polimorfismo Arg/Arg es el más frecuente en el grupo control, en las de cérvix y en las positivas a VPH.

EVALUACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD SUBCRÓNICA DE LA DULOXETINA *IN VIVO*

López-Romero L, Fabián-Tzompantzi F, Castro-García SZ, Martínez-Solís E, Álvarez-González I y Madrigal-Bujaidar E*

Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional

Los antidepresivos son medicamentos que se utilizan ampliamente y, además, por tiempo prolongado. Dichos compuestos pueden producir diversos efectos colaterales en la salud de los pacientes por lo que es conveniente el desarrollo de esquemas preclínicos para evaluar su seguridad. En nuestro laboratorio detectamos que la imipramina, la desipramina y la aminotriptilina presentaron una genotoxicidad significativa en ratón por lo que consideramos necesario evaluar antidepresivos de nueva generación, como la duloxetina con el ensayo de micronúcleos (MN). En el presente trabajo se establecieron 5 grupos experimentales con 5 ratones cada uno, los cuales se trataron por vía oral: un grupo se administró con agua, otro con desipramina (10 mg/kg) y en los otros tres se administró duloxetina (2, 6 y 12 mg/kg, respectivamente). La duración del estudio fue de cinco semanas. Antes y al final de cada semana se evaluó la cantidad de eritrocitos policromáticos micronucleados, la cantidad de eritrocitos normocrómicos micronucleados y la proporción de eritrocitos jóvenes y maduros. Los resultados mostraron que cada semana, los MN se incrementaron en ambos tipos de células, con las tres dosis de duloxetina. El mayor incremento de MN fue con la dosis de 12 mg/kg, el cual correspondió a más de cinco veces el valor basal. Al final del experimento se determinó la cantidad de proteínas oxidadas en el hígado y en el cerebro de los animales. Con respecto al control el primer órgano mostró un incremento de 20% y en el segundo de 48%, en ambos casos con la dosis más alta del fármaco. Los resultados sugieren que la duloxetina produce genotoxicidad mediada por procesos oxidativos.

IMPACTO DE LA VARIACIÓN AMBIENTAL EN LA DISTANCIA ENTRE GENES LIGADOS DE *Drosophila melanogaster*

González-Estrella AV y Ramos-Morales P

Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental. Departamento de Biología Celular. Facultad de Ciencias. UNAM. Coyoacán, México D F.

Para la evaluación del impacto de los contaminantes y agentes ambientales capaces de alterar la calidad, cantidad y expresión del material hereditario se han desarrollado diversas metodologías basadas en el análisis directo del DNA, la observación del aspecto de los cromosomas y el análisis de la progenie de cruzas específicas, entre otros aspectos. No obstante, la información acerca del impacto provocado a nivel poblacional es escasa. Entre las características que determinan la distribución y densidad geográfica de las poblaciones, el análisis de su riqueza genética es fundamental. También, el conocimiento de las relaciones entre genes que pertenecen al mismo grupo de ligamiento permite establecer el tipo y proporción de diversos genotipos en la progenie. ¿Los cambios en el ambiente pueden modificar las relaciones entre genes ligados y en consecuencia, alterar la proporción de nuevos arreglos en la progenie de individuos expuestos a genotóxicos? En este trabajo se utilizaron cruzas involucrando dos genes separados a 5.2 μm sobre el cromosoma X para evaluar el efecto de un ambiente inestable en el tipo y proporción de la progenie F₂. Como genotóxico se utilizó a la azida de sodio (NaN₃) que ha mostrado inducir rompimientos cromosómicos en *Drosophila melanogaster*. La exposición se realizó por alimentación semicrónica a larvas de tercer estadio de tipo silvestre y se utilizaron 10 diluciones sucesivas a partir de 0.125 mM de NaN₃. Los adultos recobrados se cruzaron con 1 hembra portadora de dos mutaciones recesivas ligadas al X. Para cada concentración se siguieron 10 familias. Para la F₂, de 5 familias seleccionadas al azar se sembraron 5 parejas, su progenie fue clasificada por fenotipo y se calculó la distancia entre los genes. Se evaluaron 46305 moscas F₂ y aunque en algunas concentraciones se recobraron variaciones de más del 25% en la distancia entre los genes, las diferencias no fueron significativas. Los cambios ambientales ejercen presiones en las poblaciones y pueden llegar a tener efecto cuantificable a lo largo del tiempo, pero también debe considerarse el efecto en la sobrevivencia y la fertilidad de las generaciones siguientes a la exposición. Agradecimientos al Banco de Moscas de la UNAM.

MODELO NEURONAL DE DIAGNÓSTICO DE CÁNCER EN SENO BASADO EN PERFILES DE EXPRESIÓN GENÉTICA

Celis Porras J

Instituto Tecnológico de Durango

Pacientes con cáncer en seno en el mismo estado de la enfermedad pueden tener diferentes respuestas a tratamientos. Los predictores más fuertes de metástasis fallan en clasificar con precisión los tumores de mama, según su comportamiento clínico. La terapia hormonal o la quimioterapia reducen el riesgo de metástasis distantes en un tercio aproximadamente. Sin embargo, del 70 al 80 % de los pacientes habrían sobrevivido sin hacer uso de ellas. Es deseable el desarrollo de estrategias terapéuticas ajustadas a la condición del paciente basándose en las firmas de la expresión genética del cáncer de mama. El objetivo del presente trabajo es desarrollar un modelo de diagnóstico de cáncer en mama utilizando la red neuronal perceptrón multicapa (MLP) entrenada con los genes más significativos seleccionados por un algoritmo genético. Se seleccionaron 97 pacientes con cáncer de mama primario y que desarrollaron metástasis distante en un periodo de 5 años. De cada paciente 5 mg de RNA se aislaron de un trozo congelado de material tumoral. Dos hibridaciones se realizaron para cada tumor utilizando una técnica de inversión de medio de contraste fluorescente en microarrays conteniendo aproximadamente 25,000 genes humanos. Se utilizaron los 30 genes más significativos, seleccionados con un algoritmo genético para desarrollar un modelo de clasificación con una red neuronal MLP, con 10 neuronas en la capa oculta, entrenada durante 21 épocas hasta alcanzar un error cuadrático medio 0.125. El modelo logra diagnosticar con un 93.3 % de acierto una muestra de validación de 15 casos, de los cuales 6 en remisión y 9 en no remisión. Una red neuronal MLP resulta en una técnica adecuada para desarrollar un modelo de diagnóstico de cáncer de mama. El trabajo se desarrollo con la base de datos y descripción del artículo letters to Nature.

EFFECTO GENOTÓXICO, REPROTÓXICO Y TRANSGENERACIONAL DE LA HIDROXIUREA EN *Drosophila melanogaster*

Ramos-Morales P^{1,2}, Muñoz-Hernández A¹, Hernández-Bernal BR², Muñoz-Moya JA³
y Rivas-Martínez H²

¹Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental, ²Banco de Moscas, Facultad de Ciencias,
³CCH-Sur, UNAM. Coyoacan, México D F. prm@ciencias.unam.mx

La Hidroxiurea (HxU), un antimetabolito y citostático que inhibe a la ribonucleósido reductasa ha sido utilizada en el tratamiento de algunas enfermedades metabólicas desde los años 60's. En bacterias su potencial genotóxico aumenta con S9, siendo uno de sus derivados el peróxido de hidrógeno. No existe información suficiente acerca de su potencial carcinogénico aunque en pacientes que han recibido tratamiento con HxU parece haber una mayor incidencia de leucemias. En este trabajo se exploró la actividad genotóxica y reprotóxica de la HxU, y la descendencia de individuos expuestos se siguió hasta la F₄. Larvas de 72±4h se expusieron por alimentación a 32 mM de HxU y 18 diluciones sucesivas ó agua destilada. Para la inducción de mutación somática se utilizó la craza estándar modificada *flr³+/+mwhe*. Para el efecto reprotóxico y transgeneracional se utilizaron moscas silvestres estándar (CS) y resistentes a pesticidas (ORR). Para el efecto reprotóxico se siguió la progenie de 10 familias por concentración/experimento. De la F₁ en adelante, dos parejas de cada una de 5 familias se transfirieron a medio fresco para producir la siguiente generación. En las moscas tratadas, la frecuencia de manchas grandes fue mayor. El tratamiento afectó ligeramente la fertilidad de las moscas tratadas. En la primera generación post-tratamiento (F₁), la progenie de las moscas CS y ORR fue más numerosa que la del testigo. De la F₂ a la F₄, la progenie CS fue similar a la producida por las moscas testigo o más abundante; en contraste, en las moscas ORR ocurrió lo contrario llevando a la pérdida de la descendencia en algunas concentraciones. Los resultados obtenidos muestran que la HxU es genotóxica para células somáticas en las que las manchas mutantes de más de 3 células son evidencia de que el tratamiento induce lesiones que son reparadas lo que favorece su proliferación. El impacto del tratamiento a través de 4 generaciones, evaluado mediante el tamaño de la progenie producida, sigue siendo cuantificable aún en la F₄. Este enfoque refuerza la necesidad de modificar las estrategias para evaluar el impacto de los genotóxicos en las poblaciones biológicas. Agradecimientos: a los alumnos del Taller ITGyA.

POLIMORFISMOS Y ACTIVIDAD ENZIMÁTICA DE LA GLUTATIÓN S-TRANSFERASA COMO RESPUESTA AL TRATAMIENTO EN MUJERES CON CÁNCER DE MAMA

Mejia-Sánchez F¹, Rodríguez-Albarrán M¹, Castillo-Cadena J^{1*}, Cabrera-Galeana P A² y Ramírez-García J¹

Facultad de Química, Universidad Autónoma del Estado de México, Paseo Colón esq. Paseo Tollocan. C. P. 50120. Toluca, México¹, Centro Oncológico Estatal del ISSEMyM Av. Solidaridad las Torres, esq. Prolongación Benito Juárez no. 101. Col. Del parque CP: 50180². jcastillo_cadena@hotmail.com

El cáncer de mama es la neoplasia más probable para la población femenina mundial actual. La presencia de polimorfismos en enzimas que participan en el metabolismo de los fármacos posee una relación directa con la resistencia a agentes quimioterapéuticos. El grupo de isoenzimas Glutación S-Transferasa (GST) son codificadas por genes polimórficos; tienen una función en la protección celular contrarrestando la acción de sustratos electrofílicos y productos de estrés oxidativo. El aumento de la actividad enzimática es evidencia del mecanismo de detoxificación que activa el organismo en respuesta a la presencia de xenobióticos. Este trabajo busca determinar la relación entre los polimorfismos de los genes *GSTT1*, *GSTM1* y *GSTP1* en pacientes con cáncer de mama y la actividad enzimática de la *GSTT1* y GSTtotal con la aplicación de quimioterapia con AC. Se invitó a participar a mujeres con diagnóstico de cáncer de mama, vírgenes al tratamiento, quienes aceptaron y firmaron el consentimiento informado. Se les tomó sangre periférica antes y después de la quimioterapia con Adriamicina/Ciclofosfamida. Se determinó la actividad enzimática de la GSTtotal según Habig y cols. y *GSTT1* con el reactivo de Nash. Para la genotipificación se hizo PCR múltiple de los genes *GSTM1*, *GSTT1* y *GSTP1*, seguida de electroforesis a 85V/60A durante 1 hr. y tinción con BrEt. Se emplearon las enzimas de restricción BsmA1 y Alw1 para la identificación de P1b y P1c respectivamente. Se obtuvieron 22 muestras. Las frecuencias genotípicas encontradas en mestizas mexicanas con cáncer de mama fueron similares a lo reportado por otros autores: 77.27% para *GSTM1+*, 68.18% para *GSTT1+* y 63.63% para *GSTP1 a/b*. La combinación más frecuente fue M1+/T1+/P1 heterocigoto a/b, en un 31.81%. La actividad enzimática tanto para GST total como *GSTT1* se encontró incrementada después del tratamiento, con lo cual logramos demostrar la activación génica mediante la síntesis enzimática de las isoformas de la GST por reconocimiento de los fármacos como sustrato específico para estas isoenzimas. No se logró establecer una asociación entre los polimorfismos de *GSTT1*, con la actividad enzimática de *GSTT1*, ni entre *GSTM1* y *GSTP1* con la GSTtotal, tanto para los genes individuales como para los genotipos combinados.

DIAGNÓSTICO PRENATAL DE UNA DELECIÓN *DE NOVO* 1q42: CARACTERIZACIÓN MOLECULAR Y DETERMINACIÓN DE UN NUEVO SÍNDROME

Hauad L¹, Lamoureux J¹, Krabchi K¹, Lu M¹, Langlois M², Mongrain I², Phillips MS²,
Ferland M¹, Demers A³, Rougemont A-L⁴, Sartelet H⁴ y Drouin R^{1*}

¹Division of Genetics, Department of Pediatrics, Faculty of Medicine and Health Sciences, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, QC, Canada; ²Beaulieu-Saucier Université de Montréal Pharmacogenomic Centre, Institut de Cardiologie de Montréal, Université de Montréal, Montréal, QC, Canada; ³Department of Family Medicine, CHUS, Sherbrooke, QC, Canada, ⁴Department of Pathology, Ste-Justine Hospital, Montreal, QC, Canada

En el caso de un diagnóstico prenatal, fue caracterizada la delección del cromosoma 1 observada en un feto de una mujer de 33 años. El cariotipo de bandas G de los amniocitos reveló una delección terminal del brazo largo del cromosoma 1. Inicialmente confirmada por hibridación *in situ* fluorescente (FISH), esta delección probó ser *de novo* pues los cariotipos de los padres eran normales. La autopsia fetal mostró varias malformaciones del cráneo, los riñones y las manos. Los análisis de marcadores STR (short tandem repeats) confirmaron una delección terminal de origen paterno con un punto de rompimiento localizado a nivel de la sub-banda 1q42.12. Un análisis por microchip permitió determinar que el tamaño de la delección terminal era de 22 mb. Los análisis bioinformáticos mostraron la presencia de varios genes implicados, entre otros, en la regulación de la embriogénesis, de las funciones cerebrales y renales. La cuantificación de las células fetales con ayuda de la técnica FISH aplicada a células fetales presentes en la sangre materna hibridando sondas subteloméricas del cromosoma 1 permitió estimar 20 células fetales por milímetro de sangre materna. La combinación del fenotipo clínico, la caracterización molecular y la literatura existente permite definir un síndrome de monosomía terminal 1q42 en diagnóstico prenatal. Una correlación genotipo-fenotipo permitió establecer una asociación de los rasgos específicos del fenotipo con la región terminal del brazo 1q, por ejemplo, genes implicados en la embriogénesis y anomalías renales.

DETECCIÓN DEL DAÑO AL ADN A TRAVÉS DEL BIOMARCADOR ELECTROFORESIS UNICELULAR ALCALINA EN MADRES Y NIÑOS RECIÉN NACIDOS HABITANTES DE DOS ZONAS AGRÍCOLAS DEL NORTE DEL ESTADO DE SINALOA

Martínez-Valenzuela C^{1*}, Pellegrini-Loera F¹, Gómez-Arroyo S², Villalobos-Pietrini R², Waliszewski KS³, Kumate Rodríguez J⁴, Calvo-González M¹, Félix-Gastélum R¹, Romero-Urías C¹, Ortega-Martínez D⁵, Lagarda-Escarrega A¹ y Vázquez Ramírez R

¹Instituto de Investigación en Ambiente y Salud, Universidad de Occidente ²Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México, ³Instituto de Medicina Forense, Universidad Veracruzana. ⁴Fundación IMSS, ⁵Colegio de Posgraduados, Campus Puebla. maria.martinezv@udo.mx

Los plaguicidas son compuestos utilizados principalmente en la agricultura para el control de plagas en los cultivos, siendo el método más aceptado para obtener la máxima producción y la mayor calidad en los cultivos. Pueden ocasionar efectos colaterales debido a su baja especificidad, en adición a su potencial que aumenta su toxicidad hacia otros organismos, incluyendo los seres humanos. La agricultura en el estado de Sinaloa enfrenta grandes problemas debido a que depende en gran medida del uso de mezclas de estos compuestos, muchos de los cuales pueden dañar al ambiente y a la salud humana. Se evaluó el daño al ADN utilizando electroforesis unicelular alcalina, en células de descamación del epitelio bucal de madres y de niños recién nacidos que habitan en zonas agrícolas donde se emplean frecuentemente mezclas de plaguicidas en el norte de Sinaloa. Las muestras fueron observadas mediante microscopio de fluorescencia para evaluar el daño al ADN evidenciado por la presencia de cometas. Los resultados obtenidos en este trabajo mostraron que las madres de familia y sus hijos que habitan en las zonas aledañas donde se asperjan plaguicidas en el municipio de Guasave, muestran aumento en el nivel de daño en el ADN con respecto al grupo que radica en el municipio de Ahome (t de Student $P < 0.05$), lo cual se asocia, entre otros aspectos, al tipo de productos aplicados, a los niveles de exposición directa o indirecta a estos compuestos, muchos de los cuales se ha descrito que son capaces de generar daño genotóxico, a la susceptibilidad del individuo, etc. Se concluye que la utilización de células de descamación de la mucosa bucal a través del ensayo cometa es un método poco invasivo y sensible por lo que la aportación del presente trabajo es relevante en este sentido al representar una medida temprana de evaluación de daño, que permite prevenir el riesgo de enfermedades graves como el cáncer. AGRADECIMIENTOS: A la fundación Gonzalo Río Arronte por el apoyo financiero otorgado para la realización de este trabajo y a los Doctores Marco Julio Carlón Riveros y C. Guillermo Jack por su asesoría médica.

VALORACIÓN GENOTÓXICA, CITOTÓXICA Y POTENCIAL TERATOGENICO DE TOXINA BOTULÍNICA (DYSPOORT): ESTUDIO COMPARATIVO EN SANGRE PERIFÉRICA DE RATÓN Y RATAS RECIÉN NACIDAS

Ramos-Ibarra ML, Monge Miranda H, Juárez Romero R, Saucedo Ortiz JA, López Pérez SR, Castillero Manzano MS, Zavala-Aguirre JL, Torres-Bugarín O y Enciso López ES

Depto. Salud Pública, CUCBA, UDG; UMAE, Hospital de Especialidades, Instituto Mexicano del Seguro Social; Universidad Autónoma de Guadalajara y Universidad Autónoma de Nayarit

Existen diversas marcas de toxina botulínica tipo A (TBA), que difieren en su estructura molecular y se utilizan en la clínica para tratar diversos padecimientos. El Objetivo fue valorar el efecto genotóxico, citotóxico y potencial/teratógeno de la TBA Dysport (TBAD) mediante prueba de micronúcleos en dos modelos animales. para evaluar genotoxicidad/citotoxicidad de TBAD, se formaron 2 grupos con ratones: grupo 1: se aplicó una inyección de Solución Salina (S.S); grupo 2: se aplicó una inyección de dosis proporcional a humanos de TBAD multiplicada por 10. Se tomaron muestras de sangre. Para evaluar el potencial/teratógeno, se formaron tres grupos con ratas gestantes, que fueron las unidades de tratamiento. Grupos 3, 4 y 5: se les aplicó una inyección de S.S; ciclofosfamida y TBAD multiplicada por 10, respectivamente. Al nacer las crías se eligieron 5 animales según correspondiera al tratamiento de la rata madre y se les tomó muestra de sangre. Se realizaron frotis, se procesaron para su análisis con microscopia/fluorescencia, se analizaron eritrocitos micronucleados (EMN), eritrocitos policromáticos micronucleados (EPCMN) y la proporción de eritrocitos policromáticos (EPC). Se utilizaron pruebas de ANOVA, Kruskal-Wallis y U de Mann Whitney con valor de $P < 0.05$. Se encontró incremento de los valores de EMN y EPCMN en los grupos de ratones y ratas recién nacidas expuestas a toxina y a ciclofosfamida. El efecto citotóxico, se evidenció en los ratones expuestos. Se concluye que las dosis administradas de TBAD sí producen efecto genotóxico, citotóxico y potencial teratógeno en ambos modelos.

DIVERSIDAD MORFOLÓGICA DE VARIEDADES NATIVAS DE CHILES "ANCHOS" DE MÉXICO

Toledo-Aguilar R, López-Sánchez H*, López PA, Aguilar-Rincón VH, Vaquera-Huerta H, Santacruz-Varela A y González-Hernández VA

Colegio de Postgraduados, Campus Puebla. Km 125.5 Carr. Federal México-Puebla, Santiago Momoxpan, San Pedro Cholula, Puebla, México. C.P. 72760. higinols@colpos.mx

Dentro del Género *Capsicum*, la especie *C. annuum* L. es la de mayor importancia económica en México; los tipos que la conforman se encuentran distribuidos en todo el país. Uno de ellos es el "ancho", que presenta diferentes formas, colores y sabores; es decir, tiene una gran diversidad morfológica y genética, misma que está en riesgo debido a factores de tipo ambiental y socioeconómico. El objetivo de este estudio fue caracterizar la diversidad morfológica de 90 variedades nativas de chile "ancho" provenientes de Guanajuato, Zacatecas, Durango, San Luis Potosí, Puebla y Oaxaca. De las 90 variedades 38 fueron "mulatos", 37 "anchos", 7 "cristalinos", 3 "miahuatecos", 1 "huacle negro", 2 híbridos, 1 "guajillo" y 1 "piquín" de Veracruz, evaluados en Durango y Zacatecas. Se realizó análisis de componentes principales que agrupó por un lado a los mulatos de Puebla y otro que integró a los mulatos, anchos y cristalinos de los otros estados, excepto la variedad de chile guajillo, huacle negro y piquín que se aíslan por separado. Mediante análisis de conglomerados se definieron 10 grupos, aunque cuatro variedades no formaron parte de ningún grupo. Los mulatos de Puebla formaron un grupo, al igual que algunos de Guanajuato. El resto de los grupos se integraron con mulatos, anchos y cristalinos, donde lo sobresaliente fue que en un mismo grupo hubo de varios estados. Se observa también que el chile piquín es un material distinto a los demás, pero que de él se desprenden todos los demás chiles evaluados.

DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL EN CINCO CASOS DE MUCOPOLISACARIDOSIS

Murillo Jiménez EY, Maldonado Pérez FB, Aguayo Ventura M, Cid Rosales JG y Macias Flores MA*

Unidad de Medicina Humana y Ciencias de la Salud. Univerisidad Autónoma de Zacatecas

Trastornos del metabolismo que afectan a enzimas lisosómicas dedicadas a la degradación de mucopolisacaridos, En este trabajo se presentan 5 casos en cuatro familias zacatecanas y se realiza el diagnóstico diferencial entre diversos tipos de estas metabolopatías. Se determinan las características clínicas en común: Facies Grotesca, talla baja, distensión abdominal, hernia inguinal. Opacidad corneal, labios gruesos, lordosis lumbar, hepatomegalia, esplenomegalia, dedos en tenedor, retraso psicomotor. Se realizaron pruebas de detección de MPS en orina (cromatografía) y un diagnóstico enzimático de biopsia de tejidos o leucocitos periféricos. La paciente 1: femenina de 28 años de edad se desconoce consanguinidad por ser hija adoptiva con facies tosca, labios gruesos, hepatoesplenomegalia, talla baja, retraso psicomotor acentuado y una gran lordosis y escoliosis lumbar. Pacientes 2 y3: hermanas de matrimonio consanguíneo, fallecidas por neumonía a los 10 y 18 años de edad. De facies tosca, labios gruesos. Paciente 4: masculino de 14 años de edad sin retardo mental, cursa el segundo año de secundaria con leve opacidad cornea,l discreta hepatomegalia y las piernas en X (Genus valgus), que ha sido sometido a intervención. Pacientes 5: masculino de 2 años de edad, primer hijo de matrimonio consanguíneo con facies tosca, labios gruesos, hepatoesplenomegalia, leve opacidad corneal, además de retraso psicomotor. Conclusiones: Los diagnósticos son clínicos, los primeros cuatro corresponden de acuerdo a sus características a Síndrome de Hurler mientras que el último pertenece al síndrome de Morquio.

CNG2012 126

EVALUACIÓN GENOTÓXICA DE EXTRACTOS ALCOHÓLICOS DE *Piper aduncum* L. SOBRE *Drosophila melanogaster*

Carmona-Hernández O, Fernández MS y Lozada-García JA*

Laboratorio de Toxicología Ambiental. Facultad de Biología Xalapa, Universidad Veracruzana.
Circuito Universitario Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria. Xalapa, Ver.
jalozadamx@yahoo.com

Piper aduncum L. (Piperaceae), es un arbusto, de crecimiento secundario que se distribuye a lo largo del trópico americano, se sabe de sus efectos insecticidas, tanto agudos como crónicos en organismos como *Musca domestica*, *Diatraea saccharalis*, *Aedes aegypti*, *Aedes atropalpus* y *Ostrinia nubilalis*. En este trabajo se evaluó la actividad insecticida y genotóxica, del extracto etanólico de hojas de *P. aduncum*, en *Drosophila melanogaster*, mediante el modelo de discos de contacto y se determinó la DL₅₀; para demostrar si existe daño a nivel molecular, se realizó el ensayo de DNA en escalera, con organismos expuestos a DL₉₉ (4000 µg/mL), DL₅₀ (2000 µg/mL) y DL₀ (200 µg/mL). La DL₅₀, tuvo un tiempo letal de 12 horas, mientras que la DL₉₉ fue letal a los 20 minutos. Respecto al daño al DNA, solo se observó en la DL₉₉, donde existió una ligera degradación. Se concluyó que los extractos alcohólicos de *P. aduncum*, tiene potencial insecticida y en concentraciones elevadas puede causar daño al DNA. Agradecimientos: Al Banco de Moscas, de la Universidad Nacional Autónoma de México

PARTICIPACIÓN DE LA ENDONUCLEASA Xth EN LA ACTIVACIÓN DE LAS FUNCIONES SOS DE *Escherichia coli*

Domínguez Monroy V y Serment Guerrero J*

Laboratorio de Genética Microbiana, Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, Carretera federal México-Toluca S/N, La Marquesa, Ocoyoacac, Estado de México. CP 52750. jorge.serment@inin.gob.mx

La respuesta SOS es una de las estrategias con las que cuenta *Escherichia coli* para contrarrestar las lesiones en el material genético. Está formada por aproximadamente 60 genes que al activarse confieren mayores oportunidades de sobrevivir. Para su activación es necesario que se generen regiones de DNA de cadena sencilla, de manera que la mayoría de las lesiones deben ser procesadas para poder inducir dicha respuesta. Se conocen algunos genes como *recO*, *recB* y *recJ*, que intervienen en dichos eventos, ya que cuando se exponen a radiación mutantes defectuosos en éstos, la actividad de SOS es menor que en una cepa silvestre. En trabajos anteriores se ha visto que si bien al inactivar genes que intervienen en el procesamiento de lesiones para generar DNA de cadena sencilla el nivel de inducción de SOS disminuye con respecto a una cepa silvestre, al eliminar genes que intervienen directamente en reparación la respuesta SOS aumenta. En el presente trabajo se construyó una cepa con defectos en el gen *xth*, que codifica para una endonucleasa AP que participa en el mecanismo de reparación por escisión de bases, y se evaluó tanto su sensibilidad como la actividad de la respuesta SOS al exponerla a luz UV y radiación gamma mediante el cromosoma. Los resultados obtenidos para luz UV muestran que la letalidad es muy parecida a la de la cepa silvestre; mientras que el nivel de activación SOS aumenta considerablemente. Contrariamente, los daños producidos por radiación gamma provocan una mayor letalidad y una disminución importante en comparación con la cepa silvestre.

SEIS CASOS DE AGENESIA RADIAL BILATERAL

Acevedo Carrillo EG, Cruz Ortega E, Mares Esparza AJ, Medina Castro G
y Macias Flores MA*

Hospital General del ISSSTE de Zacatecas. Unidad de Medicina Humana y Ciencias de la
Salud de la Universidad Autónoma de Zacatecas

La agenesia del rayo radial, se describe en la literatura como unilateral y como un padecimiento autosómico dominante. En el presente estudio se expone la situación anatómica congénita de seis personas en cuatro familias, sin consanguinidad, en que se da la circunstancia de que el problema es bilateral. Diagnóstico diferencial con Holt Oram y otros que se acompañan de alteración del rayo radial. En la primera familia el padre y sus dos hijos están afectados en forma variable, ya que él tiene tres dedos y sus hijos cuatro, con hipoplasia a nivel de hombros y clavículas, con ausencia de pliegues de flexión a nivel del codo. El cuarto caso, un ingeniero civil, con agenesia bilateral, que se desenvuelve sin problemas en su profesión. El quinto caso, un masculino de 4 años de edad, con defecto semejante y que fallece a los 4 años por neumonía; hijo de matrimonio con dificultades en la procreación. El sexto caso, un masculino de 26 años, ingeniero químico, con agenesia del dedo pulgar, padres adultos. Todos, hijos de matrimonio no consanguíneo. Las radiografías revelan la hipoplasia del hueso radial y ausencia de dedos 1, o bien 1 y 2. No se encontraron cardiopatías en ningún caso, ni alteraciones hematológicas. Es evidente una Herencia autosómica dominante y en tres familias aparece como neomutación. No se ha descrito el gen de esta patología.

CITOTOXICIDAD Y GENOTOXICIDAD DE LAS CASIOPEÍNAS Cas I-Gly, Cas VIII-Gly Y Cas III-Ma EN CÉLULAS HeLa

Gómez Guerrero E y Serment Guerrero J

Laboratorio de Genética Microbiana, Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, Carretera federal México-Toluca S/N, La Marquesa, Ocoyoacac, Estado de México. CP 52750. jorge.serment@inin.gob.mx

El cáncer ocupa el segundo lugar de las causas de muerte en México, por lo que, aunque existen diversos métodos terapéuticos para tratar de controlarlo, se siguen buscando nuevos fármacos que incrementen la efectividad y que al mismo tiempo tengan menos efectos secundarios. Actualmente, los compuestos basados en elementos metálicos juegan un papel importante en el desarrollo de fármacos. El grupo de la Dra. Lena Ruiz Azuara de la Facultad de Química de la UNAM ha diseñado compuestos de coordinación con un átomo central de cobre unido a ligandos orgánicos, con una fórmula general $[Cu(N-N)(\alpha\text{-L-aminoacidato})]NO_3$ y $[Cu(N-N)(O-O)]NO_3$, muchos de los cuales presentan importante actividad citostática y antineoplásica. Debido al átomo de cobre que contienen estos compuestos, su principal mecanismo de acción parece ser la generación de especies reactivas de oxígeno que pueden dañar diversas estructuras celulares como las mitocondrias, la membrana celular y/o el DNA. Se trataron células HeLa con diferentes concentraciones de tres casiopeínas (CasI-Gly, CasVIII-Gly y CasIII-Ma) y se evaluó la citotoxicidad mediante la tinción diferencial de diacetato de fluoresceína y bromuro de etidio y la genotoxicidad mediante microelectroforesis celular o ensayo cometa. Los resultados de citotoxicidad muestran que las tres casiopeínas provocan muerte de las células HeLa en función a la concentración suministrada. CasI-Gly es la que presenta mayor actividad citotóxica, mientras que el efecto de las otras dos es menor y muy similar entre sí. Cabe señalar que la primera tiene dos grupos fenilo en la fenantrolina, lo que al parecer es determinante en el efecto tóxico de este tipo de compuestos. En cuanto a la genotoxicidad, se observó que todas las Casiopeínas probadas producen diferentes grados de fragmentación del DNA y esta aumenta a medida que se incrementan las concentraciones utilizadas, si bien dicha fragmentación puede deberse también a la activación de apoptosis. La casiopeína que producen mayor fragmentación es CasIII-Ma.

MANCHAS CAFÉ CON LECHE Y RELACIÓN CON SÍNDROMES

Salas Enciso FM, Carrillo Méndez G, Adame Franco AP, Cordova Gonzalez MN, Ortega Monjarras G y Macias Flores MA*

Hospital General del ISSSTE de Zacatecas. Unidad de Medicina Humana y Ciencias de la Salud de la U.A.Z.

Las manchas café con leche en la piel se deben a un exceso de pigmento en algún momento de la embriogénesis. Cuando son sólo manchas, puede haber un factor genético autosómico dominante y se ve en familias sin que sea parte de algún síndrome. Si coincide con otras malformaciones, habrá que ubicarlo en algún síndrome. En el presente estudio se pretende ubicar a través de dicotomías, si las manchas café con leche son o no, parte de algún síndrome y en este caso, según los datos físicos que aparezcan, correlacionar con síndromes. Se evaluaron algunos individuos y se realizó una revisión bibliográfica de síndromes con manchas café con leche. Una mancha no hace el diagnóstico, más que establecerla como un sello de familia, si uno de los antepasados la presenta. Una o más manchas con poliosis, nos orienta a piebaldismo y si además presenta heterocromia del iris o hipoacusia, puede tratarse de Waardenburg. Seis o más manchas mayores de un centímetro desde el nacimiento, sugieren cualquiera de los tipos de neurofibromatosis, será de tipo I si hay fibromas y tipo 2, si hay hipoacusia. Solamente manchas generalizadas y pequeñas, puede tratarse de lentiginosis. Si las manchas coexisten con epilepsia, retardo mental y angiofibromas nos orientan a Epiloia. Si hay manchas café con leche aunadas a otras signología es muy conveniente un patrón de dicotomías para orientarnos al diagnóstico clínico.

ALTERACIONES EMBRIONARIAS DURANTE LA PRODUCCIÓN DE TETRAPLOIDES POR SHOCK FRÍO EN CAMARÓN BLANCO DEL PACÍFICO *Litopenaeus vannamei*

Zúñiga-Panduro MJ¹, Campos-Ramos R², Casillas-Hernández R^{1*} y Garza-Torres R²

¹Departamento de Ciencias Agronómicas y Veterinarias del Instituto Tecnológico de Sonora ITSON. 5 de Febrero No. 818 Sur Apdo. 541. Cd Obregón, Sonora, México. 85000.

²Departamento de Acuicultura del Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste CIBNOR. Instituto Politécnico Nacional 195, Playa Palo de Santa Rita Sur; La Paz, B.C.S. México; C.P. 23096. ramon.casillas@itson.edu.mx

La manipulación de ploidías en especies acuáticas ha tratado de mejorar las características de producción, tales como el crecimiento y la esterilidad. Sin embargo, no existe un método simple que garantice resultados exitosos aplicables a todas las especies. Para las especies de camarones hay un gran potencial en esta rama. Mediante el manejo de temperatura en huevos de camarón blanco *Litopenaeus vannamei*, se han logrado triploidias en estadios tempranos del desarrollo. Sin embargo, no se ha intentado mayor esfuerzo para obtener su tetraploidización. Para lograr esto, se realizó un ensayo con aplicación de shocks térmicos a huevos de *L. vannamei*, para prevenir la primera división en la mitosis con shocks fríos, la cual ocurre a los 32 min posterior a la fertilización (pf). El shock frío fue de 8°C a 24, 26, 28, 30, 32 y 34 min (pf) con tiempo de exposición en cada uno de 10 min y lograr así la tetraploidía. Los resultados mostraron que al aplicar el shock de temperatura fría a los 24 minutos pf, la gran mayoría de los huevos (> 90%) resistió el tratamiento y sólo se desfasaron en tiempo (aprox.15 minutos), comparado con el control. Conforme el shock frío se acercó a los 30 min (pf), la mortalidad de eclosión de nauplios llegó a ser del 100% y conforme pasó de los 30 min, la supervivencia nuevamente se recuperó. El shock frío a los 28 y 30 min (pf) resultó en la no correcta disyunción del genoma, pero además, el shock frío no inhibió la citocinesis generando una serie de anormalidades en el desarrollo del los huevos y de los nauplios. Los resultados mostraron que Conforme el shock frío se aplica cerca del comienzo de la anafase (aprox. a los 30 min pf), el embrión presenta malformaciones que son letales para la formación del nauplio. El shock frío si es capaz de inhibir parcial o totalmente el huso acromático. Sin embargo, no inhibe la actividad de los centrosomas y centriolos en el proceso de citocinesis, provocando alteraciones que no serán favorables en su desarrollo naupliar generándose por este método productos no viables.

USOS Y COSTUMBRES DEL MAÍZ CRIOLLO DE LA RAZA PALOMERO TOLUQUEÑO

De la O-Olán M^{1*}, Ayala-Garay A¹, López-Sánchez H² y Santacruz-Varela A²

¹INIFAP-Campo Experimental Valle de México, km. 13.5 Carretera Los Reyes-Texcoco, Coatlinchán, Texcoco, Edo. de México, C.P. 56250. ²Colegio de Postgraduados-Genética. micad@colpos.mx

El maíz tiene una larga lista de centenarias dinámicas familiares y comunitarias de siembra, cosecha, intercambio de jornales, preparación de alimentos, celebración de fiestas, para mencionar solamente algunas. Se ha modificado la cultura del maíz y la tortilla, más no ha desaparecido. En la actualidad se ha comprobado que el maíz tiene la capacidad para utilizarse con diferentes fines. La raza de maíz criollo de Palomero Toluqueño se encuentra en peligro de extinción debido a la baja productividad y caracteres indeseables que manifiesta en la nixtamalización, según se reporta en la literatura. Por ello, el objetivo del presente estudio fue dar a conocer los usos actuales y costumbres de la Raza Palomero Toluqueño en el noroeste del Estado de México. Para ello en el 2009, 2010 y 2011 se realizaron encuestas en una localidad de San Marcos Tlazalpán y Laguna Seca, San Bartolo Morelos, Edo. de México, donde todavía se continúa cultivando la raza en cuestión. Se encontró que la elaboración de tortillas es el principal uso, para lo cual se tiene que revolver con un maíz harinoso en éste caso el de la raza cacahuacintle, otro es la elaboración de tamales, sopes, quesadillas y tostadas que para realizar la masa tienen que revolver las dos razas de maíz antes mencionadas. Una estrategia que realizan los agricultores de la comunidad es sembrar el maíz raza Palomero Toluqueño con raza Elotes cónicos (azul y rojo) y de esa manera obtienen los cruzamientos generando una masa adecuada para la elaboración de tortillas. La venta de semilla en la comunidad es una de las actividades que las señoras siguen practicando. Otro de los usos principales es en la alimentación animal, ya que todo el rastrojo que queda se usa para dar el forraje a los animales de la yunta, así como la alimentación de borregos, animales de yunta y grano en la alimentación de aves de traspatio. La gran desventaja que presenta la elaboración de las tortillas es lo cristalino del grano de la raza Palomero Toluqueño, pero puede darse otro uso como estrategia para elaboración de palomitas por medio de mejoramiento genético.

INDUCIBILIDAD DE RADIORESISTENCIA EN CÉLULAS DE RATÓN *IN VIVO*

Morales Ramírez P*, Cruz Vallejo V y Vallarino Kelly T

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. Centro Nuclear "Dr. Nabor Carrillo Flores"
pedro.morales@inin.gob.mx

El mecanismo de inducción de radio-resistencia de *novo*, en las células de un organismo, se produce probablemente a través de eventos similares a los que ocurren durante proceso evolutivo, es decir por la inducción de mutación, la adaptación y la selección. En estas circunstancias, la exposición continua de células a la radiación gamma puede actuar al mismo tiempo como agente inductor de mutaciones y como agente selector de células resistentes adaptadas para resistir a la exposición a las radiaciones y capaces de dividirse. El objetivo del trabajo fue establecer si es posible inducir radio-resistencia en células de ratón *in vivo*, mediante la irradiación periódica con radiación gamma de ^{60}Co . Se irradiaron grupos de 10 ratones diariamente durante una semana con dosis de 0.1, 0.2, 0.3, y 0.4 Gy de rayos gamma de ^{60}Co . Además, cada fin de semana se determinó la producción de daño en las células después del tratamiento con 1.0 Gy. Además, se aplicó un protocolo en que sólo se irradió 1.0 Gy de radiación gamma semanalmente durante cuatro semanas. La resistencia se determinó mediante la presencia de micronúcleos en eritrocitos de sangre periférica, la citotoxicidad por la frecuencia de eritrocitos policromáticos y la producción de daño al ADN mediante electroforesis unicelular en gel en leucocitos. Con respecto a la inducción de micronúcleos no se observó una diferencia, pero si al medir la citotoxicidad en términos de la reducción de eritrocitos policromáticos. La inducción de radio-resistencia más clara se evidenció mediante la electroforesis unicelular en gel, por el incremento en el número de células con poco daño en el ADN, después del tratamiento con 1.0 Gy. Se puede concluir que la exposición semanal a 1.0 Gy por cuatro semanas permite la inducción de células radio-resistentes.

EVALUACIÓN DEL DAÑO GENOTÓXICO INDUCIDO POR AFLATOXINA B₁ EN CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE LA RAÍZ DE *Vicia faba*

¹Pérez-Lara AP, ¹Sánchez-Alarcón J, ²Tenorio-Colín G, ³Deng Y
y Valencia-Quintana R^{1*}

¹Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Calle del Bosque S/N, Tlaxcala Centro, CP 90000. ²Departamento de Investigación en Ciencias Agrícolas, Posgrado en Ciencias Ambientales, Instituto de Ciencias, Benérita Universidad Autónoma de Puebla.

³Texas A&M University, College Station, Texas 77843-2474, USA.

*prvq2004@yahoo.com.mx

Las aflatoxinas son micotoxinas producidas por cepas toxigénicas de los hongos *Aspergillus flavus* y *Aspergillus parasiticus*. Estas sustancias son contaminantes naturales de un gran número de productos agrícolas destacando el maíz, el sorgo, el trigo, la cebada, el arroz, el maní, frutos secos y algunos productos lácteos. Existe un gran riesgo para los humanos, que está directamente relacionado con la ingesta de alimentos contaminados por estas especies de hongos. La AFB₁, es capaz de producir daños sobre la salud humana, además de causar efectos mutagénicos, teratogénicos y carcinogénicos. Se han buscado diferentes mecanismos de protección contra esta micotoxina, tanto mecánicos como químicos, en México se ha demostrado que el proceso de nixtamalización es eficaz en este sentido. Otro proceso ha sido la utilización de arcillas para disminuir la contaminación con AFB₁. Se pretende demostrar la eficacia de la suma de estas dos estrategias. Por ello, como parte de este proyecto, se evalúa el daño genotóxico en las células meristemáticas de las raíces de *Vicia faba* expuestas a diferentes concentraciones de AFB₁, por medio de la prueba de micronúcleos. Para ello, se expusieron las raíces de *Vicia faba* a diferentes concentraciones de AFB₁ (0.0, 0.4, 1.6, 3.2, 4, 4.8 y 8 ppm), además de utilizar agua destilada como testigo negativo y dicromato de potasio como testigo positivo. Se dio un tiempo de tratamiento de 4 horas con 18 y 44 horas de recuperación. Transcurrida la recuperación se fijaron y tiñeron con reactivo de Schiff. Se registró el número de micronúcleos en 1000 interfases por laminilla, el experimento se realizó por duplicado. Los resultados preliminares demuestran que la AFB₁ es capaz de inducir micronúcleos en este sistema de prueba aunque sin una relación concentración efecto. Será necesario corroborar los efectos producidos para posteriormente determinar si el uso de arcillas en el proceso de nixtamalización es una estrategia que puede reducir el riesgo genotóxico por exposición a AFB₁. Agradecimientos a: CONACyT, Collaborative Research Grant Program, Propuesta No. 2011-031.

EVALUACIÓN DEL DAÑO GENOTÓXICO EN ADOLESCENTES CAUSADO POR LA EXPOSICIÓN A CONTAMINANTES AMBIENTALES

Rojas-Pérez I, Sánchez-Alarcón J, Pérez-Lara AP y Valencia-Quintana R

Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Calle del Bosque S/N, Tlaxcala Centro, CP 90000. prvq2004@yahoo.com.mx

En el estado de Tlaxcala existen diversas escuelas que se encuentran ubicadas en las inmediaciones de los diferentes corredores industriales, lo que provoca que la población estudiantil este potencialmente expuesta a la emisión de contaminantes ambientales de diferentes industrias. Algunas de estas sustancias pueden producir efectos agudos o crónicos en la salud humana e incluso pueden provocar daño en el material genético. En el presente trabajo se realizó un estudio de biomonitorio desde el punto de vista genotóxico empleando el ensayo de micronúcleos (MN) y de células binucleadas (BN) en células epiteliales de la mucosa oral, para determinar el daño inducido en 99 adolescentes de ambos sexos entre los 12 y 15 años de edad (grupo experimental), potencialmente expuesto a contaminantes emitidos por el Corredor industrial Panzacola y en 30 adolescentes del mismo rango de edad (grupo testigo), aparentemente no expuestos a fuentes de contaminación evidentes. Los resultados encontrados con ambos biomarcadores fueron contradictorios. En el caso de la prueba de MN, la frecuencia del grupo testigo fue mayor que las frecuencias encontradas en los 6 grupos de la escuela potencialmente expuesta, aunque solo en dos de ellas ésta fue estadísticamente significativa. Con relación a la frecuencia de células BN, la respuesta fue la esperada, encontrando valores mayores en los adolescentes expuestos que en los testigos, siendo estas estadísticamente significativas al menos con 4 de los 6 grupos expuestos. No obstante la discrepancia, los resultados obtenidos confirman la utilidad de estos biomarcadores en células epiteliales de la mucosa oral para el biomonitorio de poblaciones expuestas a agentes genotóxicos e indican la necesidad de mayores estudios para confirmar o descartar el riesgo a la salud que implica la exposición a contaminantes ambientales emitidos por el corredor industrial Panzacola en la población adolescente.

DETERMINACIÓN DE LA DOSIS LETAL (DL₅₀) EN VITROPLÁNTULAS DE *Agave tequilana* var. Azul CON Co⁶⁰

*Ángeles-Espino A¹, Valencia-Botín A², Virgen-Calleros G¹, Ramírez Serrano C¹, Paredes-Gutiérrez L³ y Hurtado De la Peña S¹

¹Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias. Universidad de Guadalajara. CUCBA. Km 15.5 carretera Guadalajara-Nogales, Las Agujas, Zapopan, Jalisco, México.

²Centro Universitario de la Ciénega. Universidad de Guadalajara. Av. Universidad 1115, Ocotlán, Jalisco, México. CP 47820. ³Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. Ocoyoacac, Estado de México, México

En el cultivo del agave (*Agave tequilana* Weber var. Azul) en la zona de denominación de origen del tequila (DOT), la incidencia de fitopatógenos se ha incrementado ocasionando pérdidas significativas en campo y la industria del tequila. El objetivo de la investigación fue irradiar callos y plántulas de agave obtenidas *in vitro* y determinar la dosis letal (DL₅₀) con fines de mejoramiento genético. Las plántulas se desarrollaron a partir de yemas axilares sembradas en medio Murashige y Skoog (MS) adicionado con 24.6 µM de AIB y 46.46 µM de Cinetina. Los callos se indujeron en medio MS adicionado con 13.57 µM de 2,4-D, 8.87 µM de BA y 9.27 µM de Cinetina. Las plántulas se multiplicaron en medio MS suplementado con 0.5 µM de AIB y 44.46 µM de Cinetina. Las dosis absorbidas de rayos gamma Co⁶⁰ fueron: 0 (control), 10, 20, 30, 40 y 50 Gy. Los callos se irradiaron a las seis semanas posteriores a la inducción; y las plántulas a las 12 semanas posteriores a la diferenciación. Se diseñó un experimento con seis tratamientos y cinco repeticiones y los resultados se evaluaron mediante análisis de varianza ($P \leq 0.01$) además se hizo un análisis de regresión lineal para determinar la DL₅₀. Se obtuvieron diferencias altamente significativas tanto en el desarrollo de las plántulas como en el de callo, mostrando una disminución significativa en el crecimiento conforme la dosis absorbida de radiación superó los 20 Gy en callos y 30 Gy en las plántulas. El análisis de regresión mostró una correlación negativa al 1% tanto en el desarrollo de las plántulas, brotes, así como en callo, obteniendo en ambos casos que la DL₅₀ se ubicó entre 20 y 25 Gy. En los programas de mejoramiento genético de agave azul tequilero, la irradiación con rayos gamma Co⁶⁰ de plántulas obtenidas *in vitro* con dosis entre 20 y 30 Gy, incrementa la probabilidad inducir mutaciones favorables para generar resistencia a fitopatógenos (hongos y bacterias) a través de la evaluación del germoplasma mutante.

MICROPROPAGACIÓN DE AGAVE (*Agave tequilana* Weber. var. Azul) CON FINES DE MEJORAMIENTO GENÉTICO

¹Ángeles-Espino A*, ²Valencia-Botín AJ, ¹Virgen-Calleros G, ¹Ramírez-Serrano C, ³Paredes-Gutiérrez L y ¹Hurtado-De la Peña S

¹Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias. Universidad de Guadalajara. Km 15.5 carretera Guadalajara-Nogales, Las Agujas, Zapopan, Jalisco. ²Centro Universitario de la Ciénega. Universidad de Guadalajara. Av. Universidad 1115, Ocotlán, Jalisco, México. CP 47820. ³Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. Ocoyoacac, Estado de México.
*alexange@prodigy.net.mx

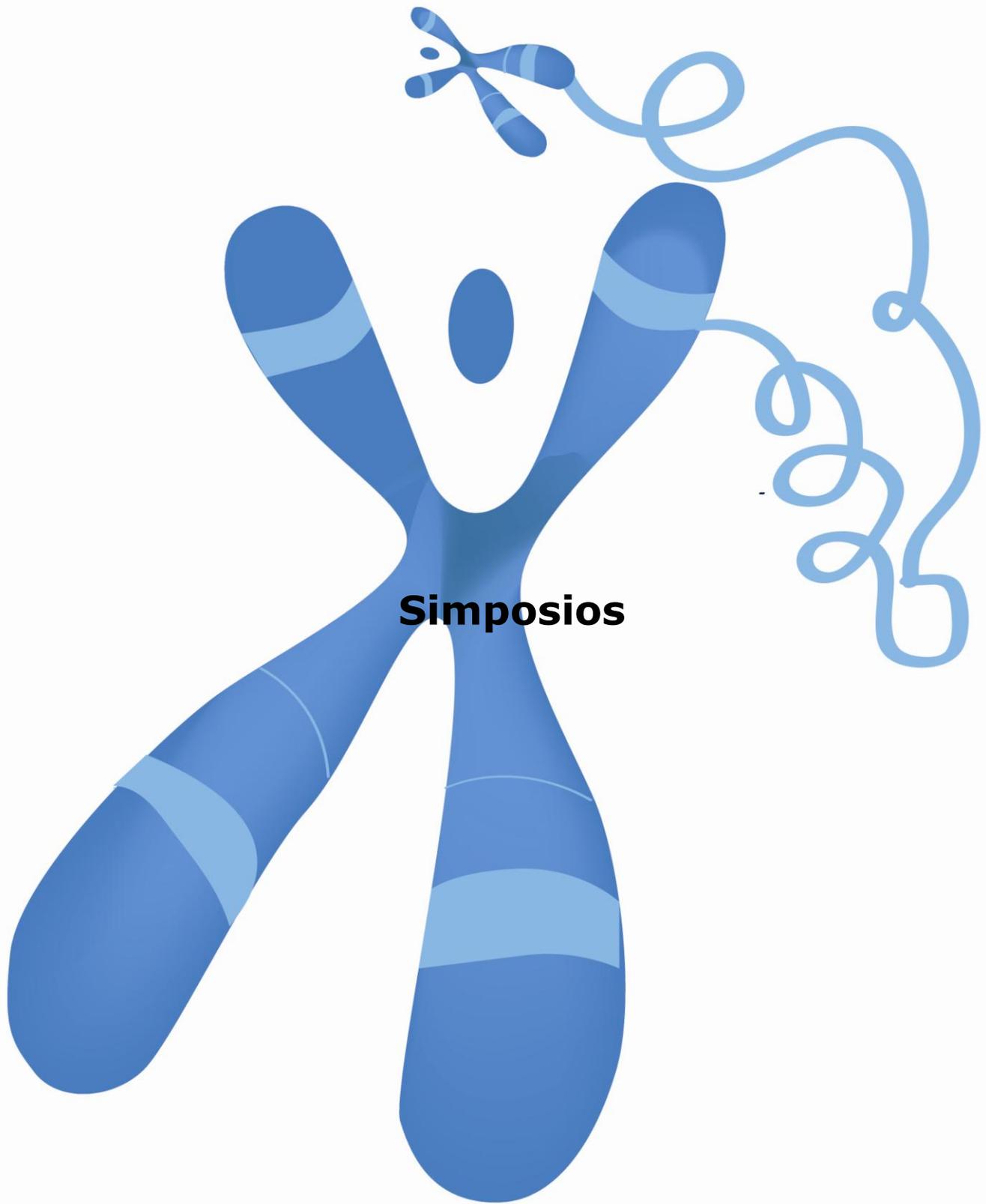
El agave (*Agave tequilana* Weber var. azul) se reproduce asexualmente presentando baja variabilidad genética, además tiene un ciclo productivo de 6 a 10 años. El mejoramiento genético requiere la micropropagación para la multiplicación masiva, y debido a que la respuesta de cada especie de agave a los reguladores de crecimiento, requiere generar y validar el protocolo de acuerdo a la especie. El objetivo del trabajo fue obtener plántulas de agave a partir del cultivo de meristemos *in vitro* con fines de mejoramiento genético. Se colectaron hijuelos de seis meses en plantaciones de 3 años de edad. Los meristemos se lavaron y desinfectaron con alcohol al 70% y una solución de cloro al 3% por 15 minutos y se dio triple enjuague en condiciones de asepsia en la cámara de flujo laminar. Los explantes se sembraron en el medio Murashige y Skoog (MS), suplementado con 24.6 μM de AIB y 46.46 μM de Cinetina, 30 g/L de sacarosa y 8 g/L de agar para su solidificación. El medio se vertió en frascos de 100 mL de capacidad a razón de 25 mL y se esterilizó en autoclave por 15 min a 121°C. Se sembró un explante por frasco y se colocaron en la cámara de crecimiento a 27°C con 16 horas luz. La inducción de los brotes se presentó a partir de la sexta semana posterior a la siembra. Los brotes obtenidos se multiplicaron y se transfirieron a medio MS suplementado con 0.5 μM de AIB y 46.46 μM de Cinetina. El desarrollo de las plántulas se obtuvo a la cuarta semana después del inicio de la inducción de los brotes. La micropropagación de plántulas de agave a partir de yemas axilares, se completó en un lapso de 10 semanas a partir de la siembra de los meristemos. Al considerar el tiempo requerido para la obtención de vitroplántulas de agave, se confirmó que la técnica de micropropagación es un proceso eficiente para la obtención masiva de plántulas sanas, vigorosas y libres de patógenos. En mejoramiento genético para resistencia a fitopatógenos, la micropropagación permite seleccionar y multiplicar germoplasma con características diferenciadas.

LA EVOLUCIÓN DE LAS ISLAS CpG EN EL GEN *AMD* DE 20 ESPECIES DE *Drosophila*.

Márquez C¹ y Ayala FJ²

Facultad de Ciencias, UABC-Ensenada, B.C.¹, University of California, Irvine, CA.²
cmarquez@uabc.edu.mx

Las islas CpG, son regiones de los genes en donde se ubican agrupamientos de los dinucleótidos CpG. En el presente es conocido que las islas CpG están localizadas en segmentos funcionales, por ejemplo en la región promotora de los genes de mamíferos y en los exones de diversos genes de las moscas *Drosophila*. En mamíferos cerca del 80% de los CpG están metilados y menos del 20% que forma las islas CpG, está escasamente metilado en los tejidos sanos. La localización de islas CpG en los genomas completos es de enorme utilidad puesto que se consideran marcadores de genes, por lo tanto tienen un valor predictivo de segmentos funcionales. En este trabajo se analizan secuencias de las regiones codificadoras del gen *1(2) alpha methyl dopa hypersensitive (amd)* de 20 especies de moscas del género *Drosophila* con el propósito de establecer cómo han evolucionado las islas CpG en las diferentes especies en cuanto a tres características básicas: (1) longitud, (2) contenido de CG y (3) la relación entre las cantidades observada y esperada de CpG (Obs_{CpG}/Esp_{CpG}). Para lograr los objetivos citados, primero se obtuvieron secuencias de los genes completos *Amd* disponibles en GenBank, se editaron y alinearon secuencias, luego se procesaron cada una de las 20 secuencias con programas predictores de islas CpG. Durante la realización del análisis se aplicaron variaciones en las longitudes de pares de bases de las "ventanas", también en el contenido porcentual de CG y en las relaciones Obs_{CpG}/Esp_{CpG} . Entre los resultados destacados se encuentra que las islas CpG de las especies *D. simulans* y *D. sechellia*, son parecidos aunque no iguales, y que ambas difieren de *D. melanogaster*. En tanto que las islas CpG de *D. yakuba* son distintas a las tres especies antes citadas. Las islas CpG más diferentes en sus características al resto de las especies estudiadas son las de *D. mojavensis* y *D. willistoni*. Las semejanzas observadas en las islas CpG de las diferentes especies no coinciden con las relaciones filogenéticas más aceptadas. A partir de los resultados obtenidos se describirá y explicará cómo han evolucionado las islas CpG en cuanto a localización, longitud y contenido porcentual de CG.





Simposio

Los bioensayos de genotoxicidad en el siglo XXI. I

Dr. Carlos Márquez Becerra

Moderador

Los bioensayos en la evaluación de los genotóxicos ambientales:
una introducción histórica

Dr. Jesús Javier Espinosa Aguirre

¿Es aún útil y vigente la prueba de ames en el siglo XXI?

Dra. Judith Guzmán Rincón

Drosophila melanogaster, de los letales recesivos al ensayo cometa

Dra. Sandra Gómez Arroyo

Las plantas superiores como bioensayos
para la evaluación del efecto genotóxico de contaminantes ambientales

LOS BIOENSAYOS EN LA EVALUACIÓN DE LOS GENOTÓXICOS AMBIENTALES: UNA INTRODUCCIÓN HISTÓRICA.

Carlos Márquez B.

Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Baja California
Ensenada, B.C., México 22800. cmarquez@uabc.edu.mx

En el presente es necesario realizar estudios de genotoxicidad de todos los agentes nuevos para el planeta, tanto químicos como físicos. La razón principal es que muchos de ellos son agentes causales de mutaciones, cáncer, malformaciones congénitas, muerte celular y envejecimiento prematuro. Las mutaciones constituyen un eje central en los bioensayos de la genotoxicidad de cualquier agente que esté sujeto a pruebas en cuanto a sus efectos nocivos. Sin embargo, la variación de todas las formas de vida es debida a los procesos de la mutación, la recombinación y la selección. Entonces, el problema no es el hecho de que ocurran las mutaciones en los organismos de todas las especies, ya que éstas se han presentado a lo largo de la historia de la vida pero a una tasa muy baja. La tasa de mutación es definida como la frecuencia de mutaciones por locus por gameto por generación, por ejemplo para la mayoría de los genes humanos, la tasa típica de mutación de un gen silvestre a un mutante es de uno en 100,000 a uno en 1000,000 por locus por gameto por generación (Lamb 2007). Ahora bien, si la tasa mutacional de baja frecuencia, no preocupa, lo que si llama la atención es el hecho que desde la década de 1940 se han descubierto numerosos agentes químicos que son mutágenos y la mayoría de ellos son también carcinógenos. En consecuencia, los agentes causales de mutación en los humanos también pueden ser los que causan cáncer (Lamb 2007).

Morgan fue uno de los primeros investigadores que trataron de inducir mutaciones en *Drosophila* mediante tratamientos con alcohol ó éter, aunque los resultados fueron poco exitosos. Tiempo después, Mann en 1923, también fracasó en sus intentos de causar mutaciones en *Drosophila*, mediante la aplicación de agentes químicos, que incluyeron morfina, quinina y sales de varios metales (Auerbach 1973). Müller fue el primero en demostrar exitosamente que los rayos X son agentes causales de mutaciones en *D. melanogaster*, debido a que estableció un método eficiente y objetivo que permitió la cuantificación de las mutaciones (Müller 1927). El método de Müller se fundamentó en la prueba de genes recesivos letales ligados al cromosoma X, que están asociados a un marcador fenotípico de los ojos denominado forma en Barra (CLB). Este método fue empleado posteriormente para establecer si numerosos agentes químicos causaban mutaciones. Por esa gran contribución recibió el premio Nobel en 1946.

Müller influyó también en Auerbach, quién empleaba como modelo experimental a *D. melanogaster*, y a principios de la segunda guerra mundial descubrió que el gas mostaza era un mutágeno, por sus contribuciones es considerada una de las pioneras en mutagénesis química (Auerbach 1947). Al poco tiempo se fueron descubriendo las propiedades mutagénicas de otros químicos como formaldehído, peróxido de hidrógeno, cafeína y muchos otros, y se utilizaron diversos organismos que incluyeron *D. melanogaster*, *Neurospora*, *Escherichia coli* (Auerbach 1961). A pesar del éxito y del enorme impacto del método original de Müller, este fue modificado años después, al incluir dos mutaciones en el cromosoma X y unas inversiones complejas (Crow 1976).

A principios de la década del cuarenta, Luria y Delbrück publicaron un artículo acerca de la mutación en bacterias, que aunque no fue el primero, sí constituyó un pilar central en este tema ya que mostró como organizar los experimentos e indicó cuales datos obtener y evaluar para lograr resultados con significado y sin ambigüedades (Luria y Delbrück 1943).

En 1961, Auerbach señaló que un tópico muy discutido era acerca del daño genético causado por las radiaciones y que se había dejado de lado el peligro que representaban los agentes químicos que el humano civilizado usaba en los alimentos, las medicinas, los cosméticos y en los procesos industriales. Ella subrayaba que tal grupo de químicos con potencial mutagénico debía de ser abordado con mayor énfasis puesto que entre 1940 y 1960, se había demostrado que numerosos químicos inducían mutaciones en *Drosophila*, en plantas y en microorganismos (Auerbach 1961). Sin embargo, su visión académica y sus textos de gran valor científico no tuvieron mucho impacto social. Poco tiempo después fue publicado el libro de Carson titulado "La primavera silenciosa" que constituyó uno de los impulsores más fuertes del movimiento ecologista y con éste se inicia el concepto moderno de la conciencia ambiental ya que se abordan los efectos negativos que tienen los pesticidas, incluido el DDT y otros, en la vida humana y silvestre. Entre los efectos perniciosos de los pesticidas que son citados, se encuentran los mutagénicos, carcinogénicos, malformaciones congénitas y letales en peces, plantas, insectos y humanos (Carson 1962).

En los años sesenta se introducen nuevos métodos que facilitan estudiar el daño inducido de forma experimental en cromosomas, entre ellos destaca la incorporación de la técnica de cultivos de linfocitos a partir de sangre periférica (Moorhead *et al.* 1960; Nowell 1960). Y se diseñan experimentos que tiene por objetivo demostrar que existen agentes químicos que interaccionan directamente con el DNA, y que lo alteran, como la 5-bromodesoxiuridina, que sustituye a las bases normales (Hsu y Somers 1961). La revolución de las técnicas de bandas cromosómicas se incorpora

para identificar a los cromosomas alterados de manera individual y a sus regiones, en especies de animales y plantas como: humano, ratones, habas, entre otros (Miller y Therman 2001).

En la década de los setenta ocurren numerosos avances metodológicos para el estudio de los genotóxicos ambientales en animales y plantas. Entre ellos destacan las técnicas de micronúcleos cuyas bondades son numerosas como su sencillez, su bajo costo, la evaluación fácil y que hasta la fecha es una de las más empleadas en eucariontes (Heddle 1973). La otra es denominada genéricamente como intercambio de cromátidas hermanas (ICH) que desarrollaron de manera independiente varios autores y que tienen diversas versiones (Latt 1974; Perry y Wolff 1974; Carrano *et al.* 1978).

Otro procedimiento de marcaje de DNA genómico muy notable es la técnica fluorescente de hibridación *in situ* que utiliza sondas específicas, conocida como FISH. Esta ha aportado información para la identificación precisa e incuestionable de daños en cromosomas y núcleos interfásicos. La técnica de FISH y sus derivaciones posteriores han tenido numerosas aplicaciones en humanos y diversas especies (Eastmond *et al.* 1994).

A finales de los ochenta y en los noventa, se introdujo con gran éxito la técnica de electroforesis unicelular, también conocida como el ensayo cometa cuyas bondades consisten en su gran sensibilidad para detectar genotoxicidad en tejidos que no son evaluados de otra manera, por ejemplo aquellos cuya tasa de división celular es baja. Cuando se compara con técnicas como la de micronúcleos, se observa que tiene mayor costo y dificultad tanto en la realización como en la interpretación de los datos, pero a pesar de ello, se ha aplicado con éxito en animales y plantas en numerosos laboratorios (Tice 1995). Un aspecto que cabe destacar es que a pesar de la gran cantidad de esfuerzo invertido en la prueba de ensayo cometa y de sus valiosas aportaciones, aún continúan algunas discusiones añejas relacionadas con la interpretación correcta e indiscutible de los datos (Vasquez 2012).

El tema de la interpretación clara, contundente e indiscutible de la información obtenida de las distintas pruebas es un tema recurrente, porque en ocasiones se presentan falsos positivos, lo que trae por consecuencia que se formen comités de expertos en áreas específicas y se presenten guías y recomendaciones de los procedimientos a seguir para evitar ó bien reducir el número de errores (Fowler *et al.* 2012).

Un bioensayo nuevo está basado en el gen GADD45a de células humanas, que tiene funciones fundamentales en la regulación del ciclo celular, en la reparación del DNA y en la apoptosis. Todo ello indica que el gen GADD45a

es una pieza clave en los procesos metabólicos que mantienen la estabilidad del genoma, lo cual hace de éste un estupendo indicador de daño en el DNA. Así mismo, dicho gen fue el primero en ser identificado como uno de los "blancos" de p53 (Birrel *et al.* 2010).

En años recientes se han incorporado a los estudios de genotoxicidad, técnicas como las de microarreglos que permiten la cuantificación de RNAm y RNAmi ó bien la secuenciación del RNA con el propósito de determinar cuáles agentes experimentales tienen efectos en la transcripción y cuáles no afectan dicho proceso celular. La identificación de los cambios en los patrones de expresión génica podría significar la detección de marcadores para rutas metabólicas susceptibles de ser afectadas (Currie 2012). Así mismo, las técnicas de PCR cuantitativo en tiempo real (qPCR) y la de PCR cuantitativo de alta densidad también involucran retos nuevos de carácter interpretativo dada la enorme cantidad de datos que generan en tiempos cortos, que sólo es posible resolverlos con los nuevos métodos de análisis estadístico que se han incorporado al método general de trabajo (Watanabe *et al.* 2012).

Otro tema nuevo en genotoxicología y mutagénesis es el que trata del estudio de los efectos de los agentes ambientales y terapéuticos en los genes mitocondriales. El DNA de la mitocondria codifica para pocos genes, entre ellos están dos RNAr, 22 RNAt y 10 de cadenas polipeptídicas, que representan en conjunto menos del 1% del contenido total del DNA celular. Sin embargo, es conocido que si algunos genes no funcionan normalmente los organismos padecen síndromes genéticos, y también la disfuncionalidad de las mitocondrias está relacionada con las células del cáncer. Para evaluar el daño genético de las mitocondrias se ha propuesto la aplicación de la denominada, hasta la fecha, tecnología de secuenciación de nueva generación (Guo *et al.* 2012).

En el presente, al igual que hace setenta años, se observa que el hombre continúa introduciendo nuevos agentes físicos y químicos al ambiente doméstico y laboral; así como en los alimentos, productos cosméticos y de empleo en medicina y en agricultura. De manera tal que si alrededor de 1920, los rayos X fueron el agente que motivó los experimentos de Müller, en el presente son otros agentes como los campos electromagnético de frecuencia extremadamente baja cuyos efectos en el DNA de las células humanas está en controversia, pero existen evidencias de que causan alteraciones en los enlaces químicos y como consecuencia de este fenómeno puede ocurrir el movimiento de electrones que pudieran afectar a distintas moléculas celulares, incluyendo el DNA. Entre las evidencias de daño está la fragmentación del DNA de fibroblastos detectada por medio del ensayo cometa (Focke *et al.* 2010). De manera similar, si el gas mostaza fue uno de los agentes que investigó Auerbach poco después de 1940, en la actualidad

son agentes químicos novedosos como las nanopartículas de plata que tienen propiedades antimicrobianas, así como las nanopartículas de sílice y oro (Li *et al.* 2012; Downs *et al.* 2012). Por tal razón es conveniente comparar pruebas, establecer métodos y guías de trabajo comunes que permitan evaluar los efectos genotóxicos de todos los nanomateriales (Doak *et al.* 2012). Es posible afirmar que ningún ambiente escapa a los contaminantes. Ante este enorme reto quién responde es la ciencia de síntesis denominada Genotoxicología que estudia en múltiples aspectos a los agentes ambientales con el fin de detectar riesgos para la salud, la supervivencia y la reproducción de los organismos. Una de sus características es que incorpora todos los avances de las ciencias de manera tal que hoy ha surgido una rama que se denomina Toxicogenómica.

En este simposio se hace un análisis de varios bioensayos de la Genotoxicología en donde se emplean bacterias, plantas y moscas, y se presentará su desarrollo, sus aportaciones y también se valorará su vigencia y avances actuales.

El simposio iniciará con una introducción histórica breve, a cargo del Dr. Carlos Márquez Becerra, que parte desde los estudios de Morgan y Müller en las primeras décadas del siglo XX, y continúa con la exposición de manera puntual de los avances más relevantes hasta el presente.

Después el Dr. Javier J. Espinosa Aguirre presentará la ponencia titulada: **“¿Es aún útil y vigente la prueba de Ames en el siglo XXI?”** En ella son incluidos diversos aspectos de la prueba que emplea a la bacteria *Salmonella typhimurium*, entre estos: el surgimiento de la prueba de Ames y su consolidación, son explicadas y analizadas las razones que la hacen vigente y son comentadas las modificaciones que ha tenido, entre las que destaca la reciente incorporación de las nuevas cepas transgénicas que permiten identificar con facilidad los genes ó regiones blanco, que facilita evaluar con certeza los resultados.

La Dra. Judith Guzmán Rincón expondrá la ponencia titulada: **“Drosophila melanogaster, de los letales recesivos al ensayo cometa”**. En esta participación se explica el origen de los bioensayos en los que se emplea a *Drosophila melanogaster* como sistema experimental en mutagénesis y genotoxicología, son abordadas las bondades del sistema y se describen las modificaciones de las pruebas clásicas a lo largo de varias décadas. Después la Dra. Guzmán, hará énfasis en la prueba de mutación y recombinación somática (SMART) que adquiere gran relevancia en la década de los ochenta y concluirá con las aplicaciones de la técnica de ensayo cometa en *D. melanogaster*.

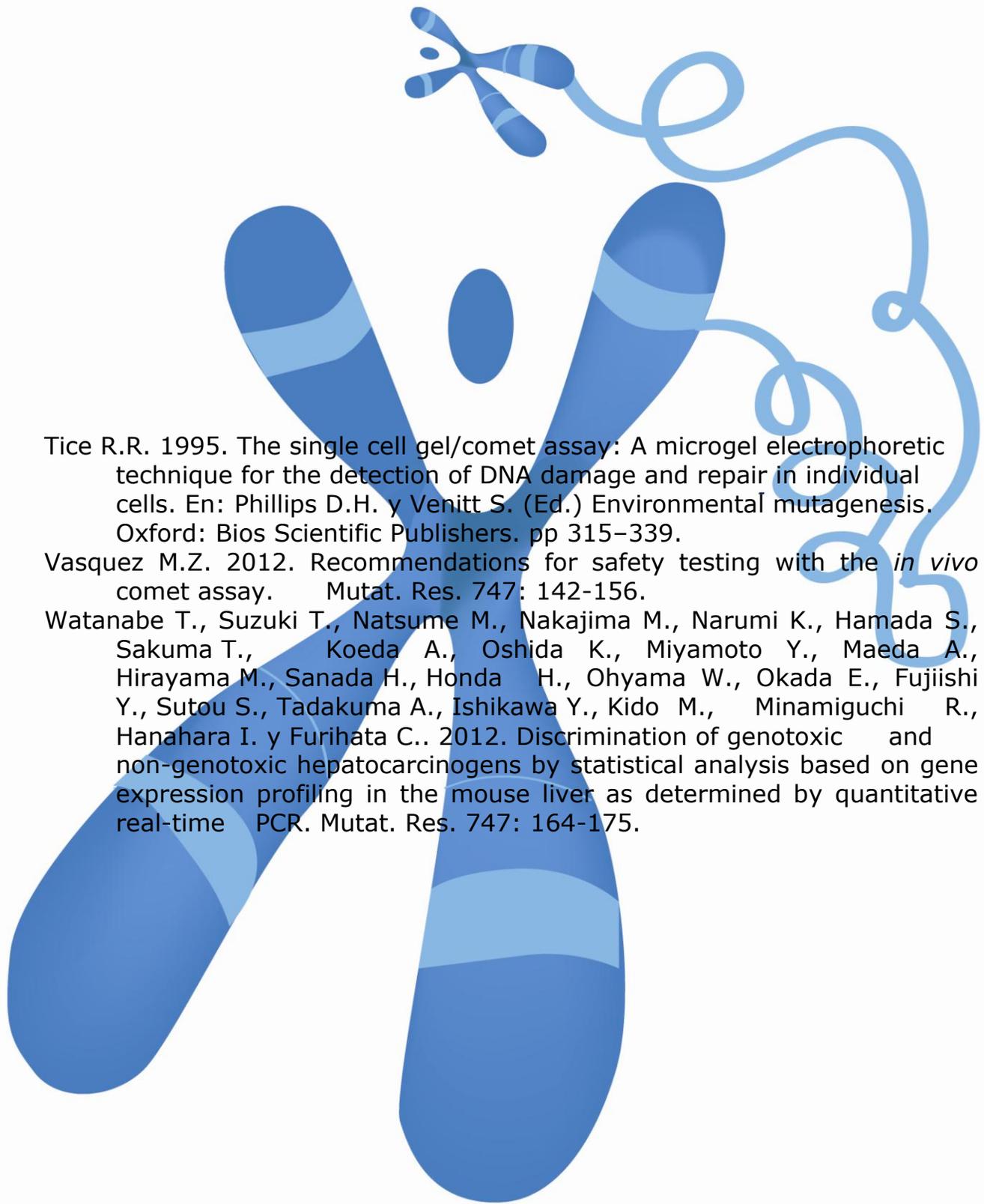
La Dra. Sandra Gómez Arroyo participará con la ponencia cuyo título es: **“Las plantas superiores como bioensayos para la evaluación del efecto genotóxico de contaminantes ambientales”** en la que se comenta que los primeros ensayos datan de la década de los treinta, sin embargo su utilización como sistemas de prueba para la detección de los genotóxicos presentes en los diversos ambientes ocurre después de 1970. El planteamiento de la necesidad de incorporar a las plantas superiores como monitores de mutágenos ambientales derivó de varias reuniones internacionales de expertos en el área que se llevaron a cabo con el patrocinio de diversas academias científicas y agencias gubernamentales. La Dra. Gómez Arroyo explicará cuáles pruebas son las más apropiadas para evaluar el efecto de los genotóxicos en plantas como: *Allium cepa*, *Arabidopsis thaliana*, *Vicia faba*, *Tradescantia* y otras. Las pruebas más utilizadas y conocidas son: aberraciones cromosómicas, intercambio de cromátidas hermanas, micronúcleos, mutaciones génicas y ensayo cometa.

Al terminar cada ponencia se abrirá un espacio para preguntas y discusiones específicas sobre cada tema y al final del simposio se realizará una discusión general y se expondrán las conclusiones.

Referencias

- Auerbach C. 1947. The induction by mustard gas of chromosome instabilities in *Drosophila melanogaster*. Proc. R. Soc. Edinb. B. 60: 164-173.
- Auerbach C. 1961. The Science of Genetics. Harper, N.Y. 230-239.
- Auerbach C. 1973. History of research on chemical mutagenesis. En Hollaender, A. (Ed.) Chemical mutagens. Principles and methods for their detection. Plenum Press, N.Y. Vol. 1, pp. 1-19.
- Birrell L., Cahill P., Hughes C., Tate M. y Walmsley R.M. 2010. GADD45a-GFP GreenScreen HC assay results for the ECVAM recommended lists of genotoxic and non-genotoxic chemicals for assessment of new genotoxicity tests. Mutat. Res. 695: 87-95.
- Carrano A.V., Thompson L.H., Lindl P.A. y Minkler J.L. 1978. Sister chromatid exchange as an indicator of mutagenesis. Nature 271: 551-553.
- Carson R.L. 1962. Silent Spring. Houghton Mifflin. N.Y.
- Crow J.F. 1976. Genetics Notes. Burgess, Minneapolis, p. 133.
- Currie R.A. 2012. Toxicogenomics: The challenges and opportunities to identify biomarkers, signatures and thresholds to support mode-of-action. Mutat. Res. 746: 97-103.
- Doak S.H., Manshian B., Jenkins G.J.S. y Singh N. 2012. *In vitro* genotoxicity testing strategy for nanomaterials and the adaptation of current OECD guidelines. Mutat. Res. 745: 104-111.
- Downs, T.R., Crosby M.E., Hu T., Kumar S., Sullivan A., Sarlo K., Reeder B., Lynch M., Wagner M., Mills T. y Pfuhler S. 2012. Silica nanoparticles

- administered at the maximum tolerated dose induce genotoxic effects through an inflammatory reaction while gold nanoparticles do not. *Mutat. Res.* 745: 38-50.
- Eastmond D.A., Rupa D.S. y Hasegawa L.S. 1994. Detection of hyperdiploidy and chromosome breakage in interphase human lymphocytes following exposure to the benzene metabolite hydroquinone using multicolor fluorescence in situ hybridization with DNA probes. *Mutat. Res.* 322: 9-20.
- Focke F., Schuermann D., Kuster N. y Schär P. 2010. DNA fragmentation in human fibroblasts under extremely low frequency electromagnetic field exposure. *Mutat. Res.* 683: 74-83.
- Fowler P., Smith R., Smith K., Young J., Jeffrey L., Kirkland D., Pfuhler S. y Carmichael P. 2012. Reduction of misleading ("false") positive results in mammalian cell genotoxicity assays. II. Importance of accurate toxicity measurement. *Mutat. Res.* 747: 104-117.
- Guo Y., Cai Q., Samuels D.C., Ye F., Long J., Li C.I., Winther F., Tawn E.J., Stovall M., Lähteenmäki P., Malila N., Levy S., Shaffer C., Shyr Y., Shu X. y Boice J.D. Jr. 2012. The use of next generation sequencing technology to study of effect of radiation therapy on mitochondrial DNA mutation. *Mutat. Res.* 744: 154-160.
- Heddle J.A. 1973. A rapid *in vivo* test for chromosomal damage. *Mutat. Res.* 18: 187- 190.
- Hsu T.C. y Somers, C.E. 1961. Effect of 5-bromodeoxyuridine on mammalian chromosomes. *Proc. Nat. Acad. Sci.* 47: 396-403.
- Lamb B.C. 2007. *The Applied Genetics of Humans, Plants and Fungi*. Imperial College Press, p.274.
- Latt S.A. 1974. Sister Chromatid Exchanges, Indices of Human Chromosome Damage and Repair: Detection by Fluorescence and Induction by Mitomycin C. *Proc. Nat. Acad. Sci.* 71: 3162-3166.
- Li Y., Chen D.H., Yan J., Chen Y., Mittelstaedt R.A., Zhang Y., Biris A.S., Heflich R.H. y Chen T. 2012. Genotoxicity of silver nanoparticles evaluated using the Ames test and *in vitro* micronucleus assay. *Mutat. Res.* 745: 4-10.
- Luria S.E. y Delbrück M. 1943. Mutations of bacteria from virus sensitivity to virus resistance. *Genetics* 28: 491-511.
- Miller O.J. y Therman E. 2001. *Human chromosomes*. Springer, N.Y., 5001p.
- Moorehead P.S., Nowell P.C., Mellman W.J., Battips D.M., Hungerford D.A. 1960. Chromosome preparations of leukocytes cultured from human peripheral blood. *Exp. Cell. Res.* 20: 613-616.
- Müller H.J. 1927. Artificial transmutation of the gene. *Science* 66: 84-87.
- Nowell P.C. 1960. Phytohemagglutinin: An initiator of mitosis in cultures of normal human leukocytes. *Cancer Res.* 20: 462-466.
- Perry P. y Wolff S. 1974. New Giemsa method for the differential staining of sister chromatids. *Nature* 251:156-158



Tice R.R. 1995. The single cell gel/comet assay: A microgel electrophoretic technique for the detection of DNA damage and repair in individual cells. En: Phillips D.H. y Venitt S. (Ed.) Environmental mutagenesis. Oxford: Bios Scientific Publishers. pp 315-339.

Vasquez M.Z. 2012. Recommendations for safety testing with the *in vivo* comet assay. Mutat. Res. 747: 142-156.

Watanabe T., Suzuki T., Natsume M., Nakajima M., Narumi K., Hamada S., Sakuma T., Koeda A., Oshida K., Miyamoto Y., Maeda A., Hirayama M., Sanada H., Honda H., Ohyama W., Okada E., Fujiishi Y., Sutou S., Tadakuma A., Ishikawa Y., Kido M., Minamiguchi R., Hanahara I. y Furihata C.. 2012. Discrimination of genotoxic and non-genotoxic hepatocarcinogens by statistical analysis based on gene expression profiling in the mouse liver as determined by quantitative real-time PCR. Mutat. Res. 747: 164-175.

¿ES AÚN ÚTIL Y VIGENTE LA PRUEBA DE AMES EN EL SIGLO XXI?

Espinosa Aguirre JJ

Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental. Instituto de Investigaciones Biomédicas UNAM. Circuito Mario de la Cueva S/N., Ciudad Universitaria. CP. 04510, México, D.F. Teléfono: (5255) 56229214. jjea99@gmail.com

Desde el siglo XIX, el desarrollo industrial ha propiciado un incremento en la exposición de poblaciones humanas a mutágenos y posibles carcinógenos. Como un esfuerzo para limitar los riesgos a la salud resultante de ello, se desarrollaron una serie de metodologías para reconocerlos y limitar su contacto con humanos. Estudiando el operón de histidina en la bacteria *Salmonella typhimurium*, el Dr. Ames y colaboradores observaron que las mutantes auxótrofas para el aminoácido podían revertir el fenotipo cuando se las exponía a agentes mutagénicos. Posteriormente, estos investigadores observaron que un alto porcentaje de los carcinógenos conocidos eran mutagénicos en lo que se denominó "prueba de Ames". Desde entonces, dicha prueba ha sido ampliamente utilizada como una primera etapa en la evaluación del riesgo genotóxico implicado en el uso y exposición a moléculas de amplio uso o de aquellas de recién síntesis. Esta prueba ha sido aceptada por varias organizaciones internacionales incluyendo la Agencia Internacional para el Estudio del Cáncer (IARC), la Agencia de protección Ambiental de Estados Unidos (EPA), la Agencia para la Administración de Alimentos y Fármacos de Estados Unidos (FDA), la Legislación de la Unión Europea para el Registro, Evaluación, Autorización y Restricción de Agentes Químicos (REAC) y el Ministerio Japonés de Salud y Bienestar (MHW). Ocasionalmente, se ha suspendido la investigación de un nuevo producto ante un resultado positivo en la prueba de Ames. Esta prueba ha sido mejorada para la evaluación de los mecanismos de reparación y las vías metabólicas involucrados en los procesos mutagénicos. Las mejoras incluyen la modificación genética de las cepas tradicionalmente usadas, a las que se les ha introducido genes de mamífero implicados en la síntesis de enzimas de fase I del metabolismo. De manera importante, el uso de esta prueba fue pionera en el estudio e identificación de agentes químicos antimutagénicos, dando origen a la investigación de agentes quimioprotectores. Uno de los mayores escollos de la prueba de Ames, es la correlación de los datos obtenidos a través de su uso y de aquellos obtenidos en células eucariotes. El objetivo de esta presentación es el de analizar las ventajas de la prueba para el estudio de varios aspectos comprendidos en la toxicología genética.

***Drosophila melanogaster*, DE LOS LETALES RECESIVOS AL ENSAYO COMETA**

Judith Guzmán Rincón

Centro de Ciencias de la Atmósfera. UNAM

Drosophila melanogaster es una especie pequeña, de fácil de manejo y de mantenimiento muy económico, tiene un ciclo de vida corto, produciendo una nueva generación cada dos semanas, lo cual asegura la obtención de resultados en tiempos relativamente cortos y con proyecciones que permiten evaluar los efectos de diferentes factores ambientales a lo largo de varias generaciones. Es además una especie muy fecunda, la hembra puede ovipositar cientos de huevos lo que facilita realizar experimentos estadísticamente sólidos, mediante ensayos *in vivo*.

En 1910, Morgan descubrió una mutante de *Drosophila* con ojos blancos y después de una serie de cruzamientos concluyó que el gene responsable reside en el cromosoma X. Más adelante, Morgan y Sturtevant (1913) hicieron un mapa con la localización de los genes en los cromosomas sentando así las bases para el uso de *Drosophila* como bioensayo.

Basado en este descubrimiento, Müller desarrolló la prueba de letales recesivos ligados al sexo (CLB). Para ello utilizó una cepa que era portadora de una inversión cromosómica (C), un letal recesivo (L) y un marcador que produce ojos en forma de barra (B). En 1927 la utilizó con éxito para mostrar el efecto mutagénico de los rayos X. Más adelante Auerbach y Robson (1941) (1), exhibieron la acción mutagénica del gas mostaza complementando el elegante sistema de cruza desarrollado por Müller con un sofisticado análisis estadístico que daba certeza a los resultados obtenidos. Estos autores demostraron que tanto los agentes físicos como los químicos producían mutaciones en el material genético y que *Drosophila* era un organismo ideal para evaluarlo. Con el tiempo se añadieron marcadores en los cromosomas 2 y 3 lo que permitía analizar casi totalmente el genoma. Se desarrollaron cepas con mecanismos de reparación defectuosos para descartar su papel durante las pruebas, o bien con cromosomas X en anillo para detectar la pérdida de cromosomas. Todas las mejoras incorporadas al bioensayo provocaron una cascada de publicaciones científicas en las que se evidenció el efecto de diferentes agentes (2, 3, 4, 5,6, 7, 8).

Aunque el bioensayo funcionaba eficientemente, el trabajo en el laboratorio se multiplicaba al necesitar experimentos muy grandes con grupos formados hasta por mil individuos a probar y en ocasiones con diferentes camadas. De tal manera que algunos trabajos llevaban años antes de obtener resultados contundentes. Fue con este panorama que un grupo de investigadores

Europeos en la década de los 80 desarrollaron un nuevo ensayo, la prueba de mutación y recombinación somática (SMART) que también puede detectar un amplio espectro de daño genético, como mutaciones puntuales, deleciones, ciertos tipos de aberraciones cromosómicas así como recombinación mitótica y conversión génica con la ventaja de que reduce significativamente el tiempo y el trabajo a desarrollar (9, 10, 11, 12). Se utilizaron dos diferentes sistemas que han sido ampliamente explorados: el ensayo de las manchas en el ala y el ensayo de las manchas en los ojos.

Ambos ensayos se basan en el hecho de que durante el desarrollo embrionario, grupos de células permanecen indiferenciadas en sacos llamados discos imagales. Estas células proliferan mitóticamente durante el período larvario, hasta que se diferencian durante la metamorfosis y dan lugar a las estructuras de individuo adulto (antenas, ojos, alas, etc.). El ensayo aprovecha la posibilidad de someter este gran número de células, reproduciéndose mitóticamente dentro de los discos imagales de la larva, a diferentes retos. Si una mutación ocurre en una de estas células, la mutación se hereda a cada una de las hijas de la misma y forma un clon de células mutantes. Si la alteración causa algún cambio visible en el fenotipo, el clon de células mutantes es detectado como una mancha de células mutantes en la superficie del cuerpo de la mosca adulta.

Para la prueba del ala, se construyeron cepas portadoras de mutaciones recesivas que afectaran al fenotipo del ala. El marcador múltiples pelos en el ala (*mwh*), produce tricomas múltiples por célula, en lugar de un solo pelo. El marcador *flare*³ (*flr*³), produce malformaciones en los tricomas del ala, dándoles forma de flama. Para mejorar la sensibilidad de la prueba en caso de promutágenos que necesitan ser activados vía rutas metabólicas dependientes de citocromo P450, se cambió el cromosoma 1 de una cepa normal por el de una cepa resistente al DDT (Oregon R(R)) que produce constitutivamente altos niveles de citocromo P450(12).

El ensayo *in vivo*, puede ser realizado en una generación (10 días aprox) y ha demostrado ser sensible a un amplio espectro de agentes genotóxicos, así como mezclas complejas de la dieta, contaminantes ambientales, fármacos y diferentes tipos de radiación (11, 13, 14).

La prueba SMART es ampliamente utilizada y año con año siguen surgiendo un gran número de reportes que, a través de diferentes estrategias, usan este bioensayo para estudios de mutagenicidad (15, 16, 17). Sin embargo, buscando nuevos horizontes, a principios de este siglo, el ensayo cometa fue adaptado para ser usado *in vivo* en *Drosophila melanogaster* combinando las bondades del ensayo con las facilidades que *Drosophila* brinda. El Ensayo Cometa es un método rápido, simple y sensible para detectar rompimientos

de las bandas de ADN en toda clase de células con el único requisito de que las células puedan ser separadas en una suspensión (18, 19). El procedimiento es semejante al ensayo cometa realizado con células de otros tejidos de diferentes organismos, con las variantes necesarias debidas las características de *Drosophila* (20).

En los primeros trabajos, desarrollados con *Drosophila* se aplicaron tratamientos de 12 horas a larvas de tercer estadio para posteriormente aislar mecánicamente neuroblastos del ganglio cerebral. Por este medio, los autores fueron capaces de detectar daño al ADN tan fácilmente como utilizando el SMART pero en tiempos más cortos. Sin embargo, las ventajas de *Drosophila* no solo residen en la detección de compuestos genotóxicos, sino que, aún más importante, en la posibilidad de analizar los mecanismos de la mutagénesis y de la carcinogénesis *in vivo*. El desarrollo del ensayo cometa en *Drosophila*, podría ser de gran utilidad como un organismo modelo para analizar puntos de interacción entre las relaciones actividad-estructura (20).

Después de una década, las condiciones se han diversificado y los protocolos incluyen larvas de primer, segundo o tercer estadio. Las cepas utilizadas pueden ser silvestres o incluir diferentes mutantes que permitan responder una gran variedad de incógnitas y la duración de los tratamientos puede ser de 12, 48, 72 o 96 hrs. Además, la prueba ha seguido evolucionando, probando diferentes tejidos en los diferentes protocolos como el intestino medio, ganglio del cerebro o más recientemente hemocitos (21, 22, 23, 24, 25).

Actualmente se están utilizando combinaciones de SMART y el ensayo cometa para estudiar la relación entre el daño al ADN inducido por diferentes agentes y sus consecuencias medidas como rompimientos en las bandas de ADN, mutación y recombinación somáticas, así como el papel del sistema de reparación NER en estas relaciones (26). Aunque la mayoría de los investigadores utiliza la versión alcalina del ensayo, que detecta rompimientos sencillos de la cadena del ADN, se ha iniciado, con muy buenos resultados, la versión neutra del mismo, esto permite evaluar rompimientos dobles del ADN ampliando el espectro de aplicaciones de la prueba (21).

Los resultados obtenidos con *Drosophila* son comparables con los obtenidos con organismos superiores lo que hace que este bioensayo sea sumamente prometedor. Seguramente en los próximos años adquirirá gran relevancia en el ámbito de la genética toxicológica.

REFERENCIAS

1. Auerbach C. 1949. Proc. 8th Int. Congr. Genetics 1948. Hereditas (Lund.) Suppl. 128.
2. Ives P T. 1960. Int. J. Radiat. Biol. 2:54.
3. Luning K G. 1952. Hereditas (Lund) 38:108.
4. Stromnaes O. 1949. Genetics 34:462.
5. Fahmy O G y M J Fahmy. 1956. Nature (Lond) 177: 996
6. Fahmy O G y M J Fahmy. 1957. Nature (Lond) 180: 31
7. Félix R, O Olvera, J Guzmán y M E de la Rosa. 1973. Genetics. 74 (2/2):78.
8. Guzmán J, M E de la Rosa, R Félix y O Olvera. 1973. *Drosophila* Information Service. USA. 50: 140
9. Graf U. F E Würgler, A J Katz, H Frei, H Juon, C B Hall y PG Kale. 1984. Environ. Mutagen. 6: 153-188.
10. Vogel E W y J A Zijlstra. 1987. Mutat. Res. 182:243-264.
11. Wurgler F E y E W Vogel. 1986. En: FJ de Serres (Ed). *Chemical Mutagen, Principles and Methods for Their Detection*. Vol. 10 Plenum Press, Nueva York, pp1-72.
12. Guzmán-Rincón J y U Graf. 1995. En F M Butherworth, L D Corkum y J Guzmán-Rincón (Eds). *Biomonitoring and Biomarkers as Indicators of Environmental Change: a Handbook*. Plenum Press, Nueva York pp169-181.
13. Graf U, H Frei, A Kägi, A J Katz y F E Würgler. 1989. Mutat. Res. 222:359-373.
14. Vogel E W y M J M Nivard. 1993. Mutagenesis 8:57-81.
15. Castañeda Partida L, M E Heres-Pulido, J Guzmán-Rincón, L B Hernández-Portilla, I E Dueñas-García, A Durán-Díaz e I Delfín-Alcalá. 2011. Food Chem. Toxicol. 49:2172-2179.
16. Orsolin P C, R G Silva-Oliveira y J C Nepomuceno. 2012. Food Chem. Toxicol. 50:2598-2604.
17. Carmona E R, T N Guecheva, A Creus y R Marcus. 2011. Environ. Mol. Mutagen. 52:165-169.
18. McKelvey-Martin V J, M H L Green, P Xchmezer, B L Pool-Zobel, M P De Méo y A Collins. 1993. Mutat. Res. 288:47-63.
19. Tice R R. 1995. In D H Phillips, S Venitt (Eds.), *Environmental Mutagenesis*, BIOS Scientific Publishers, Oxford, UK, 1995, pp315-339.
20. Bilbao C, J A Ferreiro, M A Comendador y L M Sierra. 2003. Mutat. Res. 503:11-19.
21. Sharma A, A K Shukla, M Mishra y D Kar Chowdhuri. 2011. Mutat. Res. 721: 142-146.
22. Shukla A K, P Pragya y D Kar Chowdhuri. 2011. Mutat. Res. 726: 222-226.
23. Siddique H R, D Kar Chowdhuri, D K Saxena y A Dhawan. 2005. Mutagenesis 20:285-290.
24. Carmona E R, T N Guecheva, A Creus y R Marcus. 2011. Environ. Mol. Mutagen. 52:165-169.
25. Mukhopadhyay I, D Kar Chowdhuri, M Bajpayee y A Dhawan. 2004. Mutagenesis 19:85-90.
26. García Sar D, K Aguado, M Montes Bayón, M A Comendador, E Blanco González, A Sanz-Medel y L M Sierra. 2012. Mutat. Res. 741:81-88

LAS PLANTAS SUPERIORES COMO BIOENSAYOS PARA LA EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE CONTAMINANTES AMBIENTALES

Sandra Gómez-Arroyo

Laboratorio de Genotoxicología Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, México, D.F.
slga@atmosfera.unam.mx

El empleo de las plantas superiores como bioensayos para la detección del efecto genotóxico de contaminantes ambientales se inició en la década de los 70 por las recomendaciones acerca de su sensibilidad y confiabilidad, hechas por la Royal Swedish Academy of Sciences (1973), el Committee 17 of the Environmental Mutagen Society (1975), en 1978 Frederick de Serres organizó un taller patrocinado por el US National Institute of Environmental Health Sciences titulado "Los Sistemas de Plantas Superiores como monitores de Mutágenos Ambientales" (de Serres y Shelby 1978), también se incluyeron en la US Environmental Protection Agency Gene-Tox program (Rédei 1982) y más adelante fueron apoyadas las investigaciones con plantas por la World Health Organization (1985) y la National Swedish Environmental Protection Agency (Fiskesjö 1993). No obstante que su empleo para la detección de aberraciones cromosómicas y mutaciones comienza desde finales de la década de los 30 cuando primeramente fueron utilizadas en experimentos con radiación ionizante, antes de la época de la mutagénesis química.

Entre los pioneros de las experiencias con agentes químicos en plantas es importante mencionar al Dr. Bengt A. Kihlman (1960), profesor Sueco y en los estudios *in situ* al Dr. William F. Grant (1992) distinguido investigador canadiense, ambos recientemente fallecidos.

Asimismo, se llevó a cabo un estudio de colaboración a nivel mundial en plantas superiores como sistema para investigar y monitorear ambientes contaminados, promovido por el International Program on Chemical Safety's (IPCS), que inició desde 1984, la cual es una incursión de cooperación del programa ambiental de las Naciones Unidas, la International Labour Organization y la World Health Organization, cuya meta fue desarrollar metodologías para mejorar la valoración de riesgo de exposiciones a agentes químicos con potencial mutagénico y carcinogénico (Ashby *et al.* 1988). El plan del estudio de la colaboración internacional fue validar el sistema de plantas para la evaluación del efecto mutagénico de contaminantes químicos ambientales para uso general, así como su empleo potencial en países en desarrollo. El énfasis del estudio se hizo acerca de la utilidad del ensayo de plantas para la detección de mutágenos ambientales los que podían ser

carcinógenos y/o mutágenos potenciales en las poblaciones humanas (Grant *et al.* 1994).

Los bioensayos con plantas son relativamente baratos y los procedimientos son técnicamente sencillos, lo que permite su empleo en los países cuyos recursos tecnológicos no están disponibles con facilidad, ya que constituyen sistemas de prueba que proveen herramientas útiles para estimar el riesgo genético de contaminantes ambientales. Aunado a esto su utilidad para investigar el efecto genotóxico de agentes químicos ha sido satisfactoriamente usada para monitoreos del aire *in situ* (Schairer *et al.* 1982), detectar los niveles de mutágenos en sitios de desechos industriales (Gill *et al.* 1991) o en ecosistemas acuáticos (Grant *et al.* 1992).

Las plantas superiores más frecuentemente usadas son: *Allium cepa*, *Arabidopsis thaliana*, *Crepis capillaris*, *Glycine max*, *Hordeum vulgare*, *Lycopersicum esculentum*, *Nicotiana tabacum*, *Pisum sativum*, *Tradescantia*, *Vicia faba* y *Zea mays*. Las pruebas más utilizadas son la de aberraciones cromosómicas en células somáticas, durante las divisiones mitóticas o como micronúcleos en células en interfase, empleando generalmente los meristemos de las puntas de las raíces. Algunas de estas plantas como *Hordeum vulgare*, *Lycopersicum esculentum*, *Pisum sativum* y *Zea mays* pueden ser destinadas para evaluar tanto mutaciones génicas como aberraciones cromosómicas, mientras que otras como *Arabidopsis thaliana*, únicamente se emplea para estudiar mutaciones, mientras que *Tradescantia* es utilizada para la evaluación de mutaciones somáticas en pelos estaminales y la de micronúcleos en tétradas de las células germinales.

En la década de los 80 adquieren auge los estudios con el intercambio de cromátidas hermanas (ICH) en plantas para la detección del efecto genotóxico de agentes químicos (Kihlman y Andersson 1982) y para evaluar contaminantes ambientales *in situ* (Gómez-Arroyo *et al.* 1988a, 1997) o en el laboratorio (Gómez-Arroyo *et al.* 1988b).

A finales del siglo XX, se inician los estudios empleando el ensayo cometa en plantas superiores (Koppen y Verscaeve 1996, Navarrete *et al.* 1997, Gichner y Plewa 1998), alcanzando su mayor expresión en el siglo XXI, tanto en estudios *in situ* (Gichner *et al.* 2003) como en el laboratorio (Gichner *et al.* 2008).

Actualmente se siguen realizando investigaciones en las que se aplican todas las metodologías mencionadas anteriormente en países como China (Duan *et al.* 2000), Italia (Labra *et al.* 2003, Calzoni *et al.* 2007), Austria (Majer *et al.* 2005), Polonia (Maluszynska y Juchimiuk 2005), Eslovaquia (Mišík 2007),

Brasil (Monte Egito 2007, Barbério *et al.* 2009, Leme y Marin-Morales 2009), Nigeria (Samuel *et al.* 2010), India (Siddiqui *et al.* 2010), entre otras.

Uno de los sistemas de plantas superiores más eficiente usado como bioensayo para evaluar el efecto genotóxico es *Vicia faba*, la cual ha sido propuesta como prueba para mutágenos ambientales en el Gene-Tox Program (Ma 1982).

Las características de *Vicia faba* como bioensayo están basadas en su respuesta a tratamientos cortos, con metodología estandarizada y los resultados entre laboratorios son comparables en todo el mundo. Presenta alta sensibilidad y gran repetibilidad, lo que permite realizar la detección de un amplio espectro de agentes genotóxicos, es una metodología de bajo costo, fácil manejo y requerimiento de espacio relativamente pequeño, presenta ciclo celular corto (19.3 h a 19 °C), tiene pocos cromosomas y muy grandes ($2n=12$), las regiones meristemáticas muestran células en diferentes estados de desarrollo y posee activación metabólica (fracción microsómica S10).

Las pruebas que se realizan empleando *V. faba* son aberraciones cromosómicas en células en metafase y en anafase, así como micronúcleos en interfase, intercambio de cromátidas hermanas (Gómez-Arroyo y Villalobos-Pietrini 1995) y el ensayo cometa. Además es posible llevar a cabo experimentos *in vitro* utilizando la fracción microsómica S10 (Gómez-Arroyo *et al.* 2000, Flores-Maya *et al.* 2005).

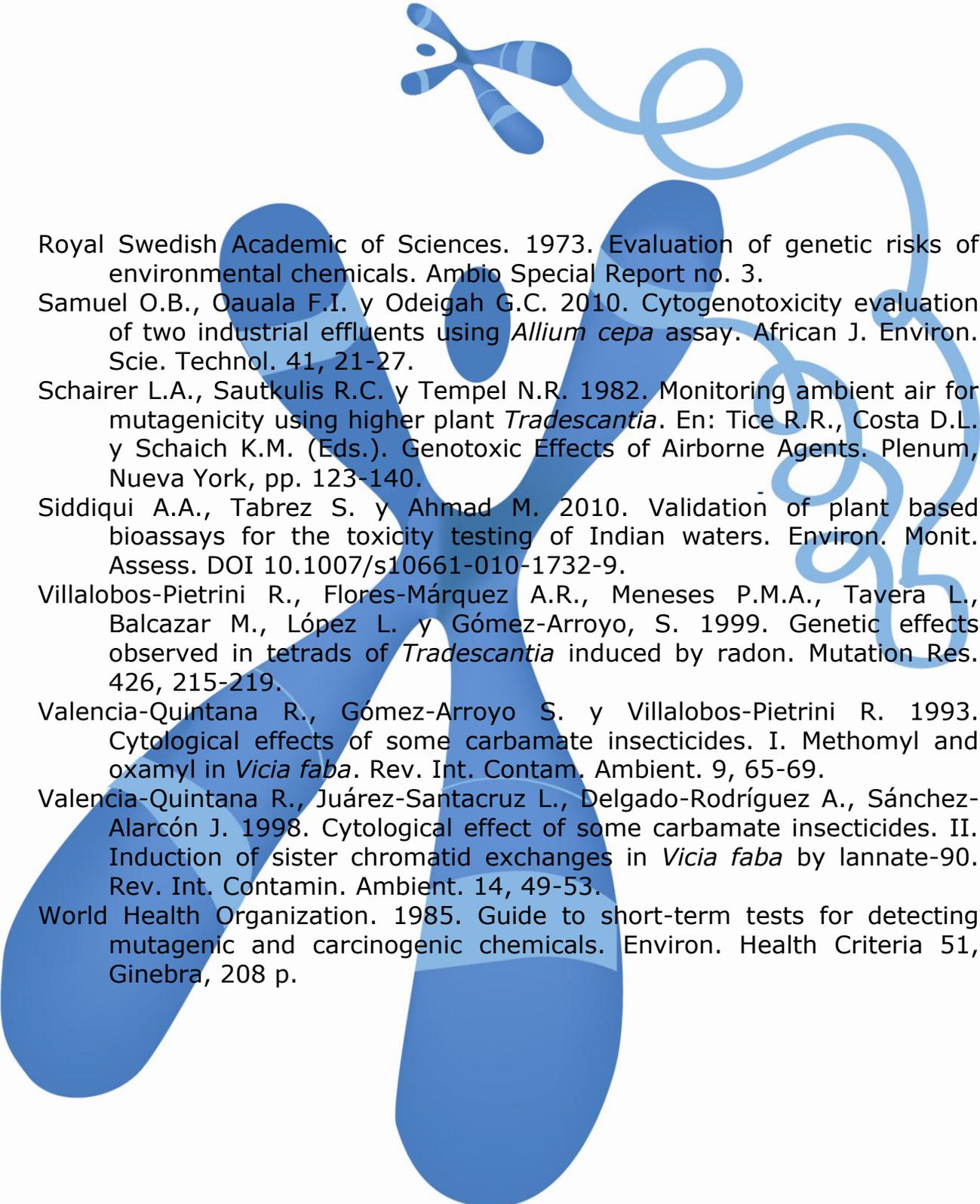
En México los siguientes grupos de investigación emplean plantas como bioensayos para evaluar la genotoxicidad de diversos contaminantes ambientales: el de Genotoxicología Ambiental, que dirige la Dra. Sandra Gómez Arroyo, evaluando metales pesados y plaguicidas (Gómez-Arroyo *et al.* 1988a,b, 1997, 2001) el de Mutagenésis Ambiental encabezado por el Dr. Rafael Villalobos Pietrini, que estudian principalmente el efecto de contaminantes en *Tradescantia* (Villalobos-Pietrini *et al.* 1999), ambos del Centro de Ciencias de la Atmósfera, de la UNAM; en Tlaxcala, el grupo del Dr. Rafael Valencia cuyos trabajos se enfocan en la detección del efecto citogenético de insecticidas carbámicos en *Vicia faba* (Valencia-Quintana *et al.* 1993, 1998); en Veracruz el grupo de la Dra. Socorro Fernández que ha investigado la genotoxicidad de plaguicidas en *Vicia faba* y *Allium cepa* (Fernández *et al.* 2009); en Querétaro el grupo del Dr. Guillermo Cabrera en colaboración con el Dr. Te-Hsiu Ma han desarrollado el sistema de *Tradescantia* en la mutación somática de los pelos estaminales y micronúcleos en tétradas (Ma *et al.* 1994a,b) y en Hidalgo el grupo del Dr. Juan Carlos Gaytán en *Vicia faba* ha evaluado el efecto citogenético de aguas contaminadas (Prieto García *et al.* 2006).

Referencias

- Ashby J., de Serres F.J., Draper M., Ishidate M. Jr., Margolin B.H., Matter B.E. y Shelby M.D. (Eds.). 1985. Evaluation of short-term test for carcinogens: Report of the International Programme on Chemical Safety's collaborative study on *in vitro* assays. Vols. I y II, Cambridge University Press, Cambridge.
- Barbério A., Barros L., Voltoni J.C. y Mello M.L.S. 2009. Evaluation of the cytotoxic and genotoxic potential of water from the river Paraíba do Sul, in Brazil, with the *Allium cepa* L. test. Braz. J. Biol. 69, 837-842.
- Calzoni G.L., Antognoni F., Pari, E., Fonti P., Gnes A. y Speranza A. 2007. Active biomonitoring of heavy metal pollution using *Rosa rugosa* plants. Environ. Pollut. 149, 239-245.
- Committee 17. 1975. Environmental mutagenic hazards. Council of the Environmental Mutagen Society. Science 187, 503-514.
- De Serres F.J. y Shelby M.D. 1978. Higher plants as monitors of environmental mutagens. Environ. Health Perspect. 27, 1-206.
- Duan C., Hu B., Guo T., Luo M., Xu X., Chang X., Wen C., Meng L., Yang L. y Wang H. 2000. Changes of reliability and efficiency of micronucleus bioassay in *Vicia faba* after exposure to metal contamination for several generations. Environ. Exp. Bot. 44, 83-92.
- Fernández S., Villalobos-Pietrini R. y Gómez-Arroyo S. 2009. Genotoxic effects of carbamate insecticides in *Vicia faba*. 10th International Conference on Environmental Mutagens, 39th Annual Meeting of the Italian Environmental Mutagen Society, Florencia, Italia. Agosto 20-25.
- Fiskesjö G. 1993. *Allium* test as a standard in environmental monitoring. Hereditas 102, 99-112.
- Flores-Maya S., Gómez-Arroyo S., Calderón-Segura M.E., Villalobos-Pietrini R., Waliszewski S.M. y Gómez de la Cruz L. 2005. Promutagen activation of triazine herbicides metribuzin and ametryn through *Vicia faba* metabolism inducing sister chromatid exchanges in human lymphocytes *in vitro* and in *Vicia faba* root tip meristems. Toxicology *in Vitro* 19, 243-251.
- Gichner T. y Plewa M.J. 1998. Induction of somatic DNA damage as measurement by single-cell gel electrophoresis and point mutation in leaves of tobacco plants. Mutat. Res. 401, 143-152.
- Gichner T., Patkova Z. y Kim J.K. 2003. DNA-damage measured by the comet assay in eight agronomic plants. Biol. Plant. 47, 185-188.
- Gichner T., Patkova Z., Szakova J., Znidar I. y Mukherjee A. 2008. DNA damage in potato plants induced by cadmium, ethyl methanesulphonate and γ -rays. Environ. Exp. Bot. 62, 113-119.

- Gill B.S., Sandhu S.S., Baker L.C. y Casto B.C. 1991. Application of a plant test system in the identification of potential genetic hazards at chemical waste sites. En: Goroush J.W., Lower W.R., Wang W. y Lewis M.A. (Eds.). *Plants for Toxicity Assessment*: vol. 2, ASTM STP 1115, American Society for Testing and Materials, Philadelphia, pp. 309-317.
- Gómez-Arroyo S., Hernández-García A. y Villalobos-Pietrini R. 1988a. Induction of sister chromatid exchanges in *Vicia faba* by arsenic contaminated drinking water. *Mutat. Res.* 208, 219-224.
- Gómez-Arroyo S., Castillo-Ruíz P., Cortés-Eslava J. y Villalobos-Pietrini R. 1988b. *Vicia faba*-sister chromatid exchanges of the organophosphorus insecticides methyl parathion, dimethoate, oxydemeton methyl, azinphos methyl and phoxim. *Cytologia* 53, 627-634.
- Gómez-Arroyo S., Rodríguez-Madrid L. y Villalobos-Pietrini R. 1992. Chromosomal alterations induced by the thiocarbamate herbicide molinate (ordram) in *Vicia faba*. *Rev. Int. Contam. Ambient.* 8, 77-80.
- Gómez-Arroyo S. y Villalobos-Pietrini R. 1995. Chromosomal aberrations and sister chromatid exchanges in *Vicia faba* as genetic monitors of environmental pollutants. En: Butterworth F.M., Corkum L.D. y Guzman-Rincón J. (Eds.). *Biomonitoring and Biomarkers as Indicators of Environmental Change*. Plenum Press, Nueva York, pp. 95-113.
- Gómez-Arroyo S., Armienta M.A., Cortés-Eslava J. y Villalobos-Pietrini R. 1997. Sister chromatid exchanges in *Vicia faba* induced by arsenic-contaminated drinking water from Zimapan, Hidalgo, Mexico. *Mutat. Res.* 394, 1-7.
- Gómez-Arroyo S., Calderón-Segura M.E. y Villalobos-Pietrini R. 2000. Biomonitoring of pesticides by plant metabolism: an assay based on the induction of sister-chromatid exchanges in human lymphocyte cultures by promutagen activation of *Vicia faba*. En: Butterworth F.M., Gunatilaka A. y Gonshebbatt M.E. (Eds.), *Biomonitoring and Biomarkers as Indicators of Environmental Change*, vol. 2, Plenum Press, Nueva York, pp. 439-455.
- Gómez-Arroyo S., Cortés-Eslava J., Bedolla-Cansino R.M., Villalobos-Pietrini R., Calderón-Segura M.E. y Ramírez-Delgado Y. 2001. Sister chromatid exchanges induced by heavy metals in *Vicia faba*. *Biologia Plantarum* 44, 591-594.
- Grant W.F., Lee H.G., Logan D.M. y Salamone M.F. 1992. The use of *Tradescantia* and *Vicia faba* bioassays for the in situ detection of mutagens in aquatic environment. *Mutat. Res.* 270, 53-64.
- Grant W.F. y Salamone M.F. 1994. Comparative mutagenicity of chemicals selected for test in the International Program on Chemical Safety's collaborative study on plant system for the detection of environmental mutagens. *Mutat. Res.* 310, 187-209.
- Kihlman B.A. 1960. The radiomimetic effect of N-nitroso-N-methyluretan in *Vicia faba*. *Exp. Cell Res.* 20, 657-659.

- Kihlman B.A. y Andersson H.C. 1982. Sister chromatid exchanges in plants. En: Wolff S. (Ed.). *Sister Chromatid Exchanges*. Wiley, Nueva York, pp. 243-265.
- Koppen G. y Verschaeve L. 1996. The alkaline comet test on plant cells: a new genotoxicity test for DNA-strand breaks in *Vicia faba* root cells. *Mutat. Res.* 360, 193-200.
- Labra M., Di Fabio T., Grassi F., Regondi S.M.G., Bracale M., Vannini C. y Agradi E. 2003. AFLP analysis as biomarker of exposure to organic and inorganic genotoxic substances in plants. *Chemosphere* 52, 1183-1188.
- Leme D.M. y Marín-Morales M.A. 2009. *Allium cepa* test in environmental monitoring: a review on its application. *Mutat. Res.* 682, 71-81.
- Ma T.H. 1982. *Vicia* cytogenetic tests for environmental mutagens. A report of the US Environmental Protection Agency Gene-Tox Program. *Mutat. Res.* 99, 257-271.
- Ma T.H., Cabrera G.L., Cebulska-Wasilewska A., Chen R., Loarca F., Vandenberg A.L. y Salamone M.F. 1994a. *Tradescantia* stamen hair mutation bioassay. *Mutat. Res.* 310, 211-220.
- Ma T.H., Cabrera G.L., Chen R., Gill B.S., Sandhu S.S., Vandenberg A.L. y Salamone M.F. 1994b. *Tradescantia* micronucleus bioassay. *Mutat. Res.* 310, 221-230.
- Majer, B.J., Grummt T., Uhl M. y Knasmüller S. 2005. Use of plant bioassays for the detection of genotoxins in the aquatic environment. *Acta Hydrochim. Hydrobiol.* 33, 45-55.
- Maluszyńska J. y Juchimiuk J. 2005. Plant genotoxicity: a molecular cytogenetic approach in plant bioassays. *Arh. Hig. Rada Toxicol.* 58, 177-184.
- Mišík M., Mičičeta K., Solenská M., Mišíková K., Pisarčíková H. y Knasmüller S. 2007. In situ biomonitoring of the genotoxic effects of mixed industrial emissions using the *Tradescantia* micronucleus and pollen abortion tests with wild life plants: demonstration of the efficacy of emission controls in an eastern European city. *Environ. Pollut.* 145, 459-466.
- Monte Egito, L.C., Medeiros M.G., Batistuzzo de Medeiros S.R. y Agnez-Lima L.F. 2007. Cytotoxic and genotoxic potential of surface water from the Pitimbu river, northeastern/RN Brazil. *Gen. Mol. Biol.* 30, 435-441.
- Navarrete M.H., Carrera P., de Miguel M. y de la Torre C. 1997. A fast comet assay variant for solid tissue cells. The assessment of DNA damage in higher plants. *Mutat. Res.* 389, 271-277.
- Prieto García F., Lechuga Vargas M.A., Méndez Marzo M.A., Barrado Esteban E. y Gaytán Oyarzún J.C. 2006. Daños tóxicos en tejidos vegetales, producidos por aguas contaminadas con arsénico en Zimapán, Hidalgo, México. *Ciênc. Tecnol. Aliment., Campinas*, 26, 94-97.
- Rédei G.P. 1982. Mutagen assay with *Arabidopsis*. A report of the US environmental protection agency Gene-Tox program. *Mutat. Res.* 99, 243-255.

- 
- Royal Swedish Academic of Sciences. 1973. Evaluation of genetic risks of environmental chemicals. *Ambio* Special Report no. 3.
- Samuel O.B., Oauala F.I. y Odeigah G.C. 2010. Cytogenotoxicity evaluation of two industrial effluents using *Allium cepa* assay. *African J. Environ. Scie. Technol.* 41, 21-27.
- Schairer L.A., Sautkulis R.C. y Tempel N.R. 1982. Monitoring ambient air for mutagenicity using higher plant *Tradescantia*. En: Tice R.R., Costa D.L. y Schaich K.M. (Eds.). *Genotoxic Effects of Airborne Agents*. Plenum, Nueva York, pp. 123-140.
- Siddiqui A.A., Tabrez S. y Ahmad M. 2010. Validation of plant based bioassays for the toxicity testing of Indian waters. *Environ. Monit. Assess.* DOI 10.1007/s10661-010-1732-9.
- Villalobos-Pietrini R., Flores-Márquez A.R., Meneses P.M.A., Tavera L., Balcazar M., López L. y Gómez-Arroyo, S. 1999. Genetic effects observed in tetrads of *Tradescantia* induced by radon. *Mutation Res.* 426, 215-219.
- Valencia-Quintana R., Gómez-Arroyo S. y Villalobos-Pietrini R. 1993. Cytological effects of some carbamate insecticides. I. Methomyl and oxamyl in *Vicia faba*. *Rev. Int. Contam. Ambient.* 9, 65-69.
- Valencia-Quintana R., Juárez-Santacruz L., Delgado-Rodríguez A., Sánchez-Alarcón J. 1998. Cytological effect of some carbamate insecticides. II. Induction of sister chromatid exchanges in *Vicia faba* by lannate-90. *Rev. Int. Contamin. Ambient.* 14, 49-53.
- World Health Organization. 1985. Guide to short-term tests for detecting mutagenic and carcinogenic chemicals. *Environ. Health Criteria* 51, Ginebra, 208 p.



Simposio

**Los biomarcadores de genotoxicidad
en el biomonitoreo ambiental**

Dra. Sara Frías Vázquez
Moderadora

Dr. Stefano Bonassi

The micronucleus assays in human population studies

Dr. Rafael Villalobos Pietrini

El sistema de Ames como biomarcador de genotoxicidad de contaminantes atmosféricos. Estudio de caso de la Zona Metropolitana de la Ciudad de México

Dr. Francisco Arenas Huertero

Los microRNAs como indicadores de contaminantes atmosféricos

THE MICRONUCLEUS ASSAYS IN HUMAN POPULATION STUDIES

Bonassi Stefano

IRCCS San Raffaele Pisana, Rome, Italy

The cytokinesis-block micronucleus cytome assay is a comprehensive system for measuring DNA damage, cytostasis and cytotoxicity. DNA damage events are scored specifically in once-divided binucleated (BN) cells and include (a) micronuclei (MNi), a biomarker of chromosome breakage and/or whole chromosome loss, (b) nucleoplasmic bridges (NPBs), a biomarker of DNA misrepair and/or telomere end-fusions, and (c) nuclear buds (NBUDs), a biomarker of elimination of amplified DNA and/or DNA repair complexes. Cytostatic effects are measured via the proportion of mono-, bi- and multinucleated cells and cytotoxicity via necrotic and/or apoptotic cell ratios.

The assay is being applied successfully for biomonitoring of *in vivo* exposure to genotoxic agents, *in vitro* genotoxicity testing and in diverse research fields such as nutrigenomics and pharmacogenomics as well as a predictor of normal tissue and tumor radiation sensitivity and cancer risk. To increase the suitability of the assay for studies in human populations, the Buccal Micronucleus Cytome (BMCyt) assay is commonly considered as a possible alternative to the lymphocyte assay. This method is increasingly used in molecular epidemiological studies.

EL SISTEMA DE AMES COMO BIOMARCADOR DE GENOTOXICIDAD DE CONTAMINANTES ATMÓSFERICOS. ESTUDIO DE CASO DE LA ZONA METROPOLITANA DE LA CIUDAD DE MÉXICO

Rafael Villalobos Pietrini

Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Coyoacán 04520, México, D.F.

El ensayo de Ames es una prueba versátil, útil y rápida para evaluar las propiedades mutagénicas de contaminantes ambientales. Identifica sustancias que producen daños genéticos, lo que se traduce en mutaciones. Se utilizan diversas cepas modificadas de *Salmonella typhimurium* que tienen una falla en uno de los genes involucrados en la biosíntesis de histidina, lo que las hace dependientes a este aminoácido (auxótrofas) lo que provoca que sean incapaces de crecer en un medio que no lo contenga. Cuando las cepas están en contacto con un agente mutagénico, éste es capaz de causar una nueva mutación que restaura el defecto en el operón de histidina y las revierte al estado silvestre recuperando la capacidad de sintetizar histidina (potótrofa) y pueden entonces crecer en medio mínimo. Las bacterias que regresan al estado silvestre se conocen como revertantes y forman colonias. La cantidad de colonias revertantes que aparecen por placa después del tratamiento, está relacionado con la mutagenicidad que induce el compuesto que se estudia. Las cepas de *S. typhimurium* que se utilizan tienen diferentes mutaciones en varios sitios del operón de histidina, cada una está diseñada para identificar diferentes tipos mutaciones como sustituciones de pares de bases (cepas TA100 y TA1535) o corrimientos de marco de lectura (cepas TA98 y TA1538).

Estos estudios se realizan en una cepa de *Salmonella typhimurium* como la TA98 que construida por el Dr. Bruce Ames y sus colegas, que es deficiente en histidina (his-) que por ello no puede sintetizar su propio aminoácido. Cuando una sustancia produce una mutación en el operón de la histidina y logra el regreso a su condición silvestre (his+), entonces esta bacteria puede producir de nuevo su propia histidina. La mutación en la cepa TA98 se realiza por alteración del marco de lectura que afecta al gen *hisd3052*. Como la cepa TA98 fue más sensible que la TA100, cuyo mecanismo de mutación ocurre con la sustitución de pares de bases, se seleccionó la primera para realizar las investigaciones posteriores con las aeropartículas. Se desarrolló una serie de cepas YG presentando elevada actividad enzimática. Los genes de la nitroreductasa clásica con (*pYG216*) y de la o-acetil transferasa (*pYG219*) que están insertados en los plásmidos que confieren alta actividad enzimática y

mayor sensibilidad a los nitrocompuestos tales como nitro arenos, dinitro arenos, hidroxil aminos y aminos aromáticas.

El material orgánico extraído de las aeropartículas se obtuvo por ultrasonido con dicloro metano. La cromatografía de gases acoplada a la espectrometría de masas se utiliza para la identificación y la cuantificación de compuestos volátiles de las muestras ambientales.

Inicialmente se evaluó el efecto mutagénico con base en las frecuencias de reversión cuya tasa considera la proporción de revertantes inducidos por los extractos de las aeropartículas entre la cantidad de revertantes espontáneos. Más adelante se analizaron las respuestas mutagénicas con un modelo paramétrico de regresión lineal donde la pendiente representó la potencia mutagénica expresada en revertantes por m^3 .

Los mutágenos de acción directa detectados por la cepa TA98 están relacionados con los nitro-derivados de hidrocarburos aromáticos policíclicos; mientras que los mutágenos de acción indirecta responden a la inclusión de la fracción S9 del hígado de mamíferos.

La concentración de partículas y de material orgánico extraído se calcularon de los pasos del impactador de cascada, considerando que en la Ciudad de México existen, a diferencia con otros lugares, dos estaciones predominantes, la de lluvias de junio a octubre y la de secas de noviembre a mayo y se hallaron mayores concentraciones tanto de partículas como de material orgánico extraído (MOE) en la estación de secas.

Al comparar las potencias mutagénicas de la MOE, en el 77 % de los casos hay una potencia en alguna de las fracciones que en las muestras complejas.

Cuando se cuenta con escasa masa se puede aplicar un método que incrementa la cantidad de células microbianas mediante centrifugación seguido de un proceso de centrifugación a 37 °C durante 90 minutos. Además se disminuye diez veces el homogeneizado del hígado de rata y cinco veces los factores enzimáticos requeridos por placa. Pese a todas estas ventajas es necesario tener en cuenta que la reproducibilidad es baja.

LOS microRNAs COMO INDICADORES DE CONTAMINANTES ATMOSFÉRICOS

Arenas Huertero Francisco

Laboratorio de Biología Molecular. Departamento de Patología. Hospital Infantil de México Federico Gómez

Los microRNAs son RNAs no codificadores de 18-22 nucleótidos en su forma madura que es la biológicamente activa. Están codificados en diferentes regiones del genoma: intrones, exones, zonas intergénicas. Normalmente actúan formando un complejo complementario en el extremo 3' no traducido del RNAm blanco: generando la degradación del RNAm o deteniendo síntesis de proteína. Los microRNAs son expresados en todos los eucariontes y en virus tanto DNA como RNA virus. También se expresan en células transformadas y como respuesta a diferentes estímulos tanto bióticos como abióticos. La producción de microRNAs es exportada fuera de las células debido a que son producidos en el interior de exosomas, lo que los hace factibles de medirse en muchos líquidos extracelulares como orina, suero, saliva y secreciones exógenas. Por tal motivo, los microRNAs pueden responder al efecto o estímulo de diferentes agentes contaminantes atmosféricos. En el Laboratorio, estamos interesados en analizar la respuesta de células bronquiales al efecto de hidrocarburos aromáticos contenidos en la fracción orgánica de las PM_{2.5} de filtros de estaciones de monitoreo de la ciudad de México: noreste (San Agustín), centro (Merced) y suroeste (San Angel). Para ello, se realizó el análisis de expresión de los microRNAs 513c y 26b que se reportaron como de respuesta a hidrocarburos aromáticos en partículas de diesel. Se utilizaron las concentraciones de 0.1 µg/µl (alta) y 17 µg/ml (baja concentración). Los resultados mostraron que el miR-513c se elevó 1.6 y 2.75 veces más por la fracción de la estación noreste; y 1.35 y 3.4 veces de la del centro, para las concentraciones alta y baja, respectivamente. Para la estación suroeste solo a 17 µg/ml se observó una elevación de 1.7 veces. El miR-26b sólo se incrementó 2.31 y 4 veces más para las fracciones de la estación noreste. Las fracciones de cada estación presentan concentraciones diferentes de sus componentes orgánicos contaminantes: el encontrar una respuesta diferencial por estos 2 microRNAs refleja fuertemente que estas diferencias de exposición y de estímulo a estos contaminantes puede ser "sensado" por el organismo, en este caso las células bronquiales, y activar la expresión diferencial de los microRNAs por las células. Finalmente. Esta respuesta específica y diferencial puede quedarse "fijada" aún con el paso del tiempo y en tejidos incluidos en parafina, lo que representan biomarcadores que prácticamente no dependen de los artificios de fijación como los aductos de DNA, son más estables en tiempo que los aductos de proteínas, y pueden servir para realizar incluso, estudios de efecto de cambio climático.



Simposio

Los bioensayos de genotoxicidad en el siglo XXI. II

Dr. Miguel Betancourt Rule
Moderadora

Dr. Antonio Barbadilla Prados
El kit básico para el análisis bioinformático de genomas

Dr. Mario Altamirano Lozano
El ratón como modelo experimental en genética

Dr. Stefano Bonassi
Genotoxicity assays in the XXI century: Humans studies

KIT BÁSICO PARA EL ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE GENOMAS

Barbadilla Prados Antonio

Departamento de Genética. Instituto de Biotecnología y Biociencias. Facultad de Biociencias.
Universidad Autónoma de Barcelona. España. Antonio.Barbadilla@uab.cat

Las nuevas tecnologías post-genómicas que generan datos a gran escala han conducido al análisis masivo de datos moleculares, y la bioinformática se ha convertido en una ciencia clave y protagonista en la tarea de dar sentido a una ingente masa de datos en incesante crecimiento. El gran reto actual del biocientífico es ser capaz de gestionar ágil y naturalmente toda esta información. A pesar de esta necesidad de talento bioinformático, en los programas de formación de biocientíficos no se adquieren las capacidades y destrezas que se requieren. Un kit básico de herramientas que facilita el análisis bioinformático es conocido con el acrónimo LAMP, que se refiere a cuatro paquetes de software de código abierto: el sistema operativo Linux, el servidor web Apache, el gestor de base de datos MySQL y el lenguaje de programación Perl. A partir de estas herramientas un biocientífico está en disposición de automatizar la búsqueda de datos en la red, almacenar datos o información resultante de sus análisis en una base de datos. A su vez, esta información pueda consultarse y recuperar a partir de una interfase Web accesible desde cualquier conexión a Internet. Si este kit básico se completa con librerías de software como BioPerl, Biojava, es posible crear servidores o servicios Web con información útil en las investigaciones genómicas. Si queremos implementar un navegador para visualizar un genoma, GBrowse es el paquete de programas a elegir. Por último, pueden implementarse herramientas que permiten diseñar ad hoc un conjunto de análisis concatenados.

EL RATÓN COMO MODELO EXPERIMENTAL EN GENÉTICA

Altamirano-Lozano MA

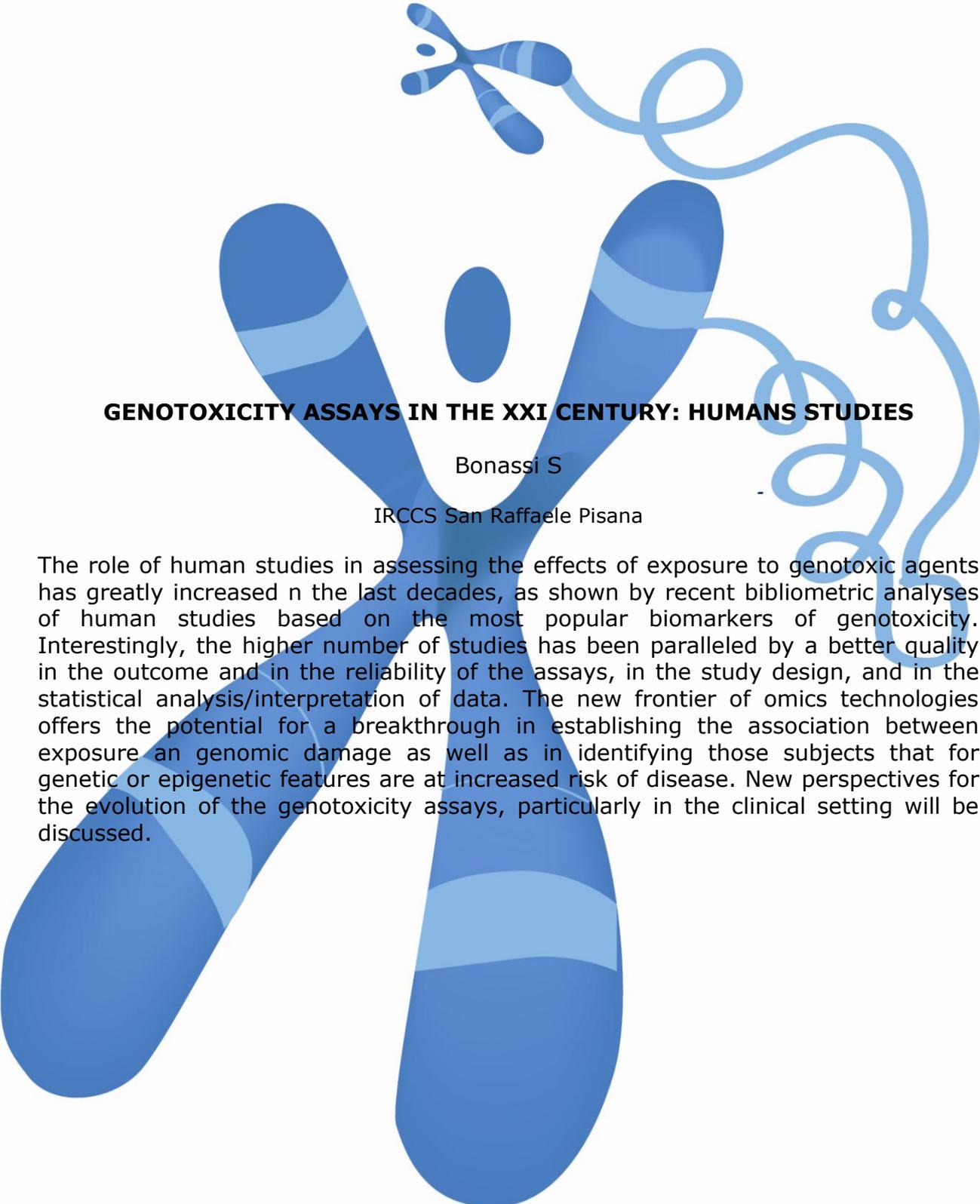
Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN)
Facultad de Estudios Superiores-Zaragoza, UNAM. México, D.F.
maal@unam.mx

Los experimentos con animales tienen su fundamento en el hecho de considerar a los animales como modelos en miniatura de los problemas humanos. Actualmente se realizan experimentos con animales básicamente en tres campos: la docencia, la industria y la investigación.

Las ventajas del ratón sobre otros animales experimentales incluyen la posibilidad de manipular información genética nueva dentro de la célula y transmitirla a la línea germinal. Por otro lado, el ratón tiene un ciclo reproductivo muy corto con tamaño de camadas grandes; es un animal pequeño, manejable, resistente, bien caracterizado en cuanto a su biología y muy usado en el laboratorio. Es una especie que cuenta con muchas cepas consanguíneas diferentes. Para el ratón existe un número abundante de anticuerpos y sondas de ADN. El costo es relativamente barato en comparación con otros animales experimentales y su mantenimiento, es sencillo.

Los ratones también han sido una herramienta importante para estudiar enfermedades inducidas por el medio ambiente, como el desarrollo del cáncer. La mayor parte de las alteraciones producidas por el medio recaen en mutaciones específicas de tejidos y finalmente, en la aparición de cáncer. Se sabe que determinados factores ambientales, como ciertos agentes químicos, pueden causar cáncer. Sin embargo, por estudios en modelos experimentales así como por análisis de resultados derivados de seres humanos, se observa un fuerte componente genético de la enfermedad.

Finalmente, desde el punto de vista de la mutagénesis, en el ratón se pueden aplicar casi todas las técnicas descritas para ver daño al ADN (Mutaciones puntuales) y a los cromosomas



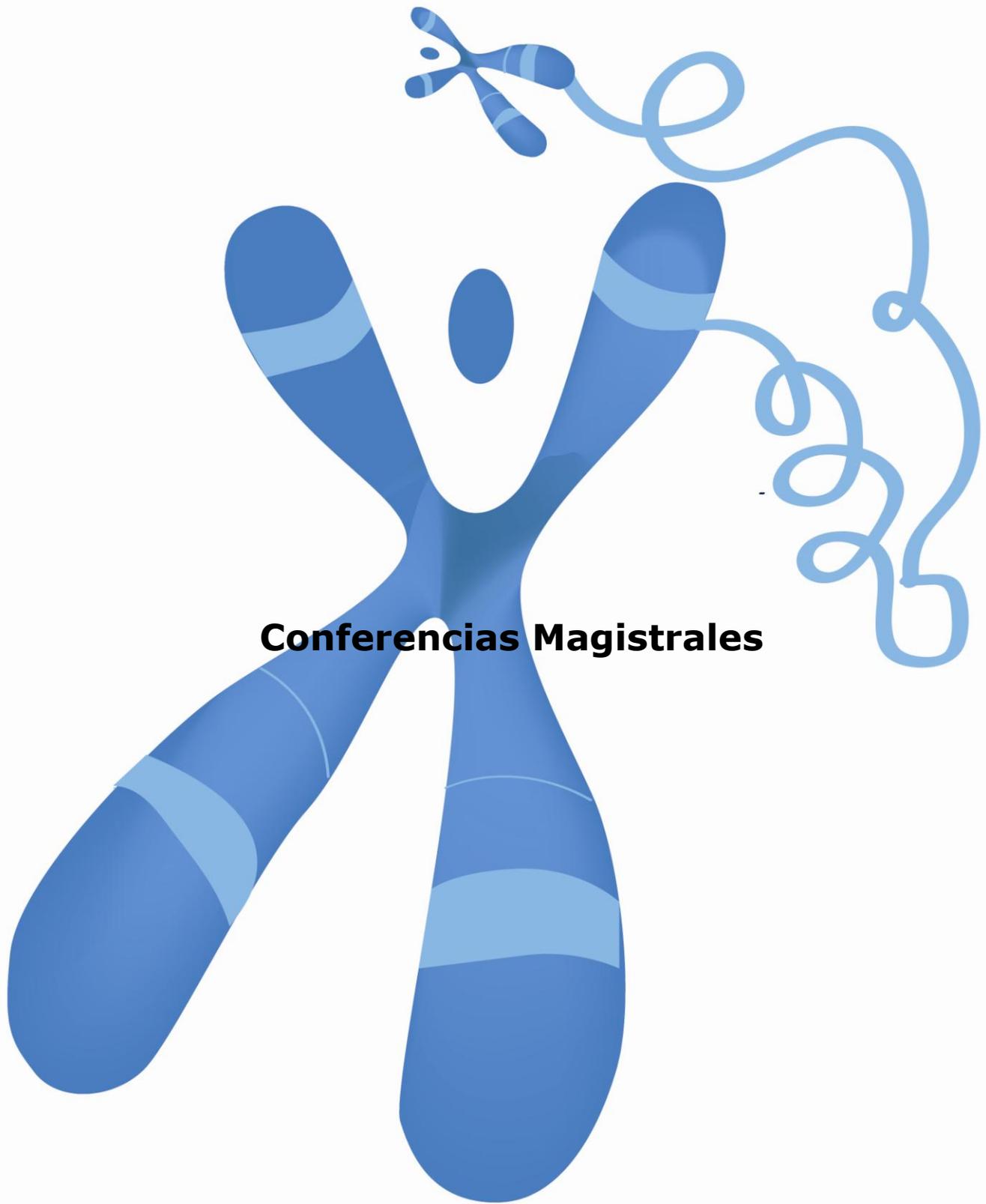
GENOTOXICITY ASSAYS IN THE XXI CENTURY: HUMANS STUDIES

Bonassi S

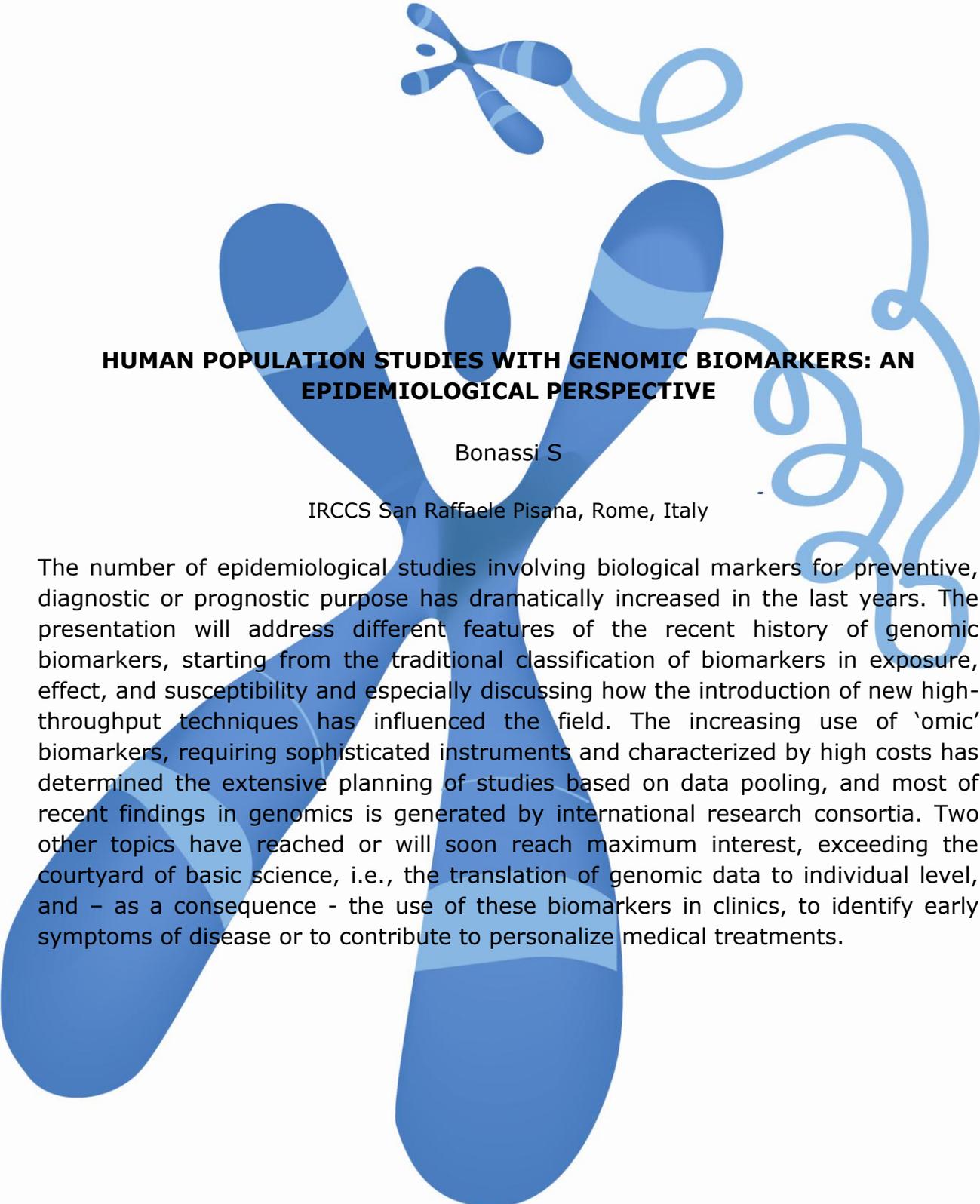
IRCCS San Raffaele Pisana

The role of human studies in assessing the effects of exposure to genotoxic agents has greatly increased in the last decades, as shown by recent bibliometric analyses of human studies based on the most popular biomarkers of genotoxicity. Interestingly, the higher number of studies has been paralleled by a better quality in the outcome and in the reliability of the assays, in the study design, and in the statistical analysis/interpretation of data. The new frontier of omics technologies offers the potential for a breakthrough in establishing the association between exposure and genomic damage as well as in identifying those subjects that for genetic or epigenetic features are at increased risk of disease. New perspectives for the evolution of the genotoxicity assays, particularly in the clinical setting will be discussed.





Conferencias Magistrales



HUMAN POPULATION STUDIES WITH GENOMIC BIOMARKERS: AN EPIDEMIOLOGICAL PERSPECTIVE

Bonassi S

IRCCS San Raffaele Pisana, Rome, Italy

The number of epidemiological studies involving biological markers for preventive, diagnostic or prognostic purpose has dramatically increased in the last years. The presentation will address different features of the recent history of genomic biomarkers, starting from the traditional classification of biomarkers in exposure, effect, and susceptibility and especially discussing how the introduction of new high-throughput techniques has influenced the field. The increasing use of 'omic' biomarkers, requiring sophisticated instruments and characterized by high costs has determined the extensive planning of studies based on data pooling, and most of recent findings in genomics is generated by international research consortia. Two other topics have reached or will soon reach maximum interest, exceeding the courtyard of basic science, i.e., the translation of genomic data to individual level, and – as a consequence – the use of these biomarkers in clinics, to identify early symptoms of disease or to contribute to personalize medical treatments.

PTERIGIÓN, UNA PERSPECTIVA MOLECULAR DE UNA ENFERMEDAD OCULAR

Bautista de Lucio VM

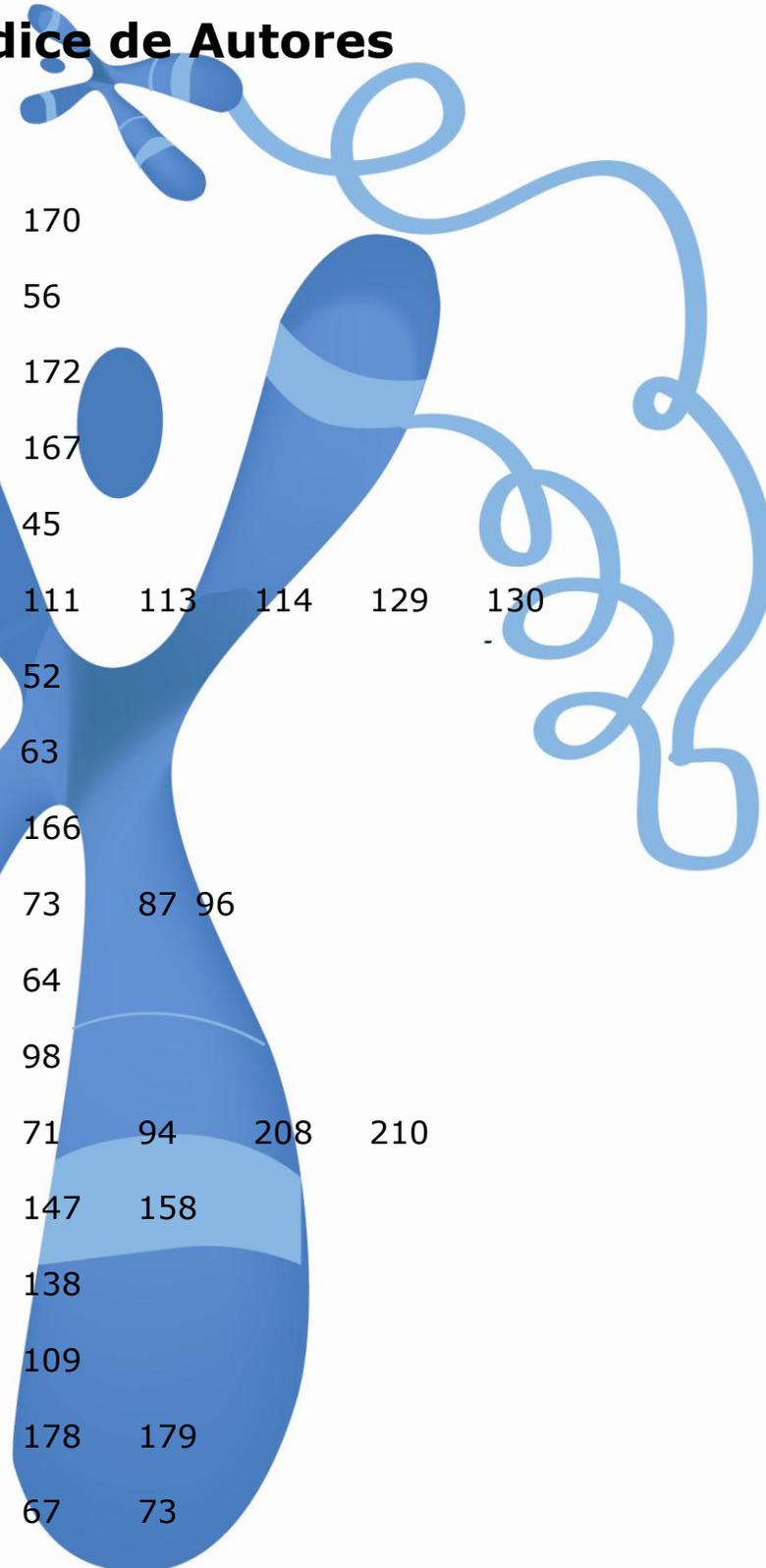
Departamento de Microbiología y Proteómica Ocular, Instituto de Oftalmología "Fundación de Asistencia Privada Conde de Valenciana"

El pterigión es un crecimiento de tejido fibrovascular, que se origina en la conjuntiva hacia la cornea. La patogénesis del pterigión no está bien entendida, ciertos hallazgos muestran comparte características con las neoplasias, sugiriendo que el pterigión es un desorden tipo neoplasia. Existen varias hipótesis que intentan explicar el origen del pterigión, entre ellas se mencionan mecanismos inmunológicos, infecciones, exposición a radiación ultravioleta. En este contexto, la radiación ultravioleta actúa generando especies reactivas de oxígeno (ROS). Se ha reportado que las ROS son capaces de modular la expresión de ciertos genes que son relevantes en el manejo del estrés oxidativo en la formación de tumores. Utilizando una estrategia proteómica, analizamos la expresión diferencial de proteínas en el pterigión con respecto a la conjuntiva sana. Este estudio mostró la sobreexpresión de la proteína peroxiredoxina 2, identificada por espectrometría de masas, y demostrado por western blot y pcr tiempo real. En un análisis inmunohistoquímico se mostro que la peroxiredoxina 2 se expresaba solo en las células del epitelio basal del pterigión. Estos resultados mostraron la sobreexpresión de peroxiredoxina 2 en pterigión. Peroxiredoxina 2 está asociada en la inhibición de la apoptosis por la regulación de la expresión de proteínas como bcl-2 y bax. Se analizó el proteoma apoptótico del pterigión, mediante el uso de arreglos de proteínas. Al comparar la expresión de 35 proteínas relacionadas con la apoptosis entre el pterigión y conjuntiva sana, se determinó que la expresión de bcl-2 aumentó y la de bax disminuyó. La expresión de procaspasa 3 también se incrementó, en contraste, la expresión de caspasa 3 disminuyó. La expresión de otras proteínas como citocromo c, fas/TNFR, HIF1-alfa, SMAC/DIABLO, clusterina y bcl-xl se encontró disminuida. La expresión de catalasa estaba muy disminuida. En conclusión, estos resultados mostraron que la relación bcl-2/bax, importante para la progresión de la apoptosis, fue de 1.5, lo que indica que existe un efecto anti-apoptótico regulado por estas proteínas. Por otro lado, la sobreexpresión de peroxiredoxina 2 y la relación bcl-2/bax, sugieren que en el pterigión la apoptosis esta inhibida. Este estudio revela el mecanismo que explica la inhibición de la apoptosis en el pterigión. Por otro lado, la descripción de estas proteínas como biomarcadores en el pterigión, permitirán en un futuro utilizarlas como blancos terapéuticos para el tratamiento del pterigión.



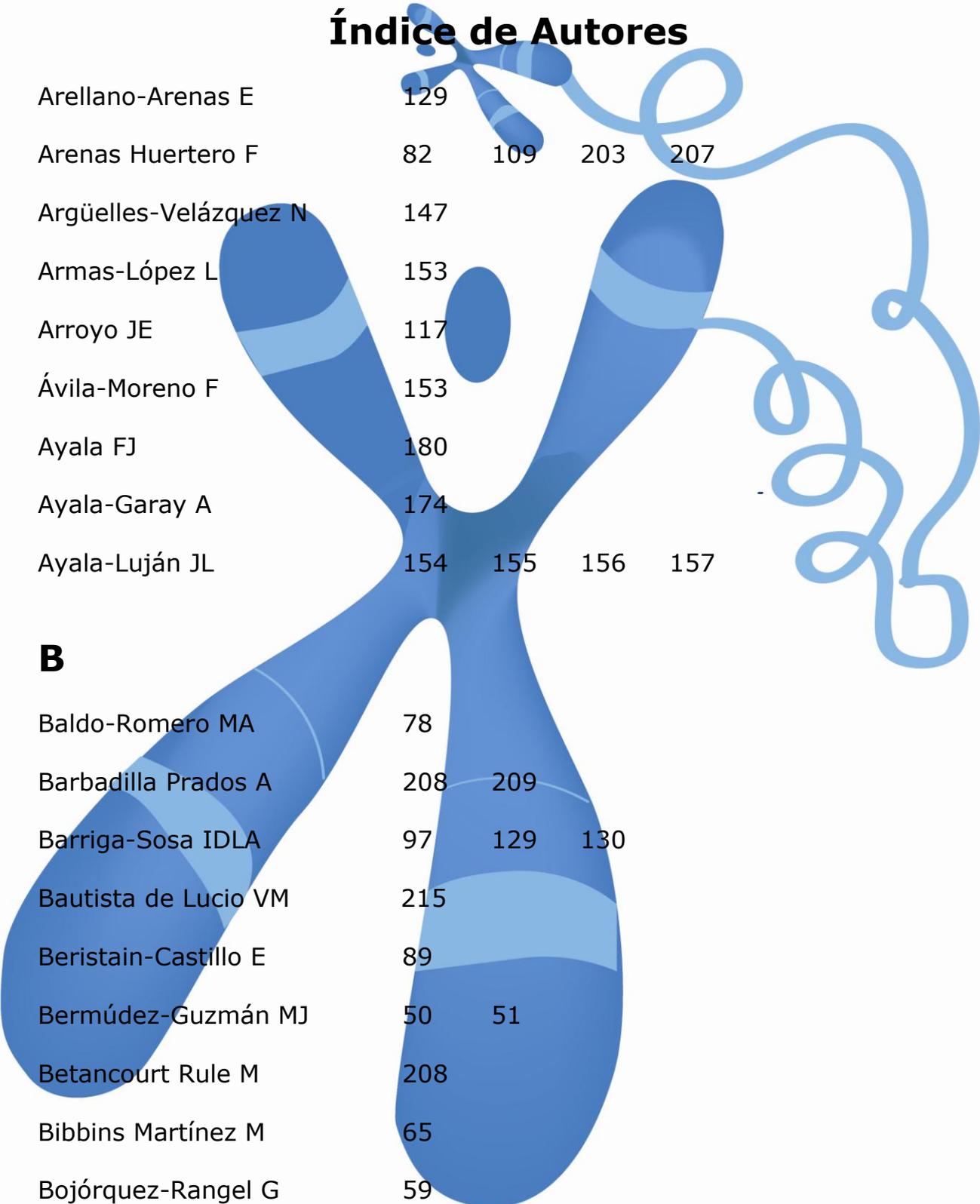
Índice de Autores

A



Acevedo Carrillo EG	170				
Aco MA	56				
Adame Franco AP	172				
Aguayo Ventura M	167				
Aguilar Garduño-RM	45				
Aguilar MA	111	113	114	129	130
Aguilar-Medina EM	52				
Aguilar-Osuna D	63				
Aguilar-Rincón VH	166				
Alarcón-Romero LC	73	87	96		
Almaguer-Vargas G	64				
Almaraz-Abarca N	98				
Altamirano-Lozano MA	71	94	208	210	
Álvarez-González I	147	158			
Alvarez-Moya C	138				
Amador-Muñoz O	109				
Ángeles-Espino A	178	179			
Antúnez-Ortiz DL	67	73			
Arámbula Meraz E	52				
Arellano E	130				

Índice de Autores

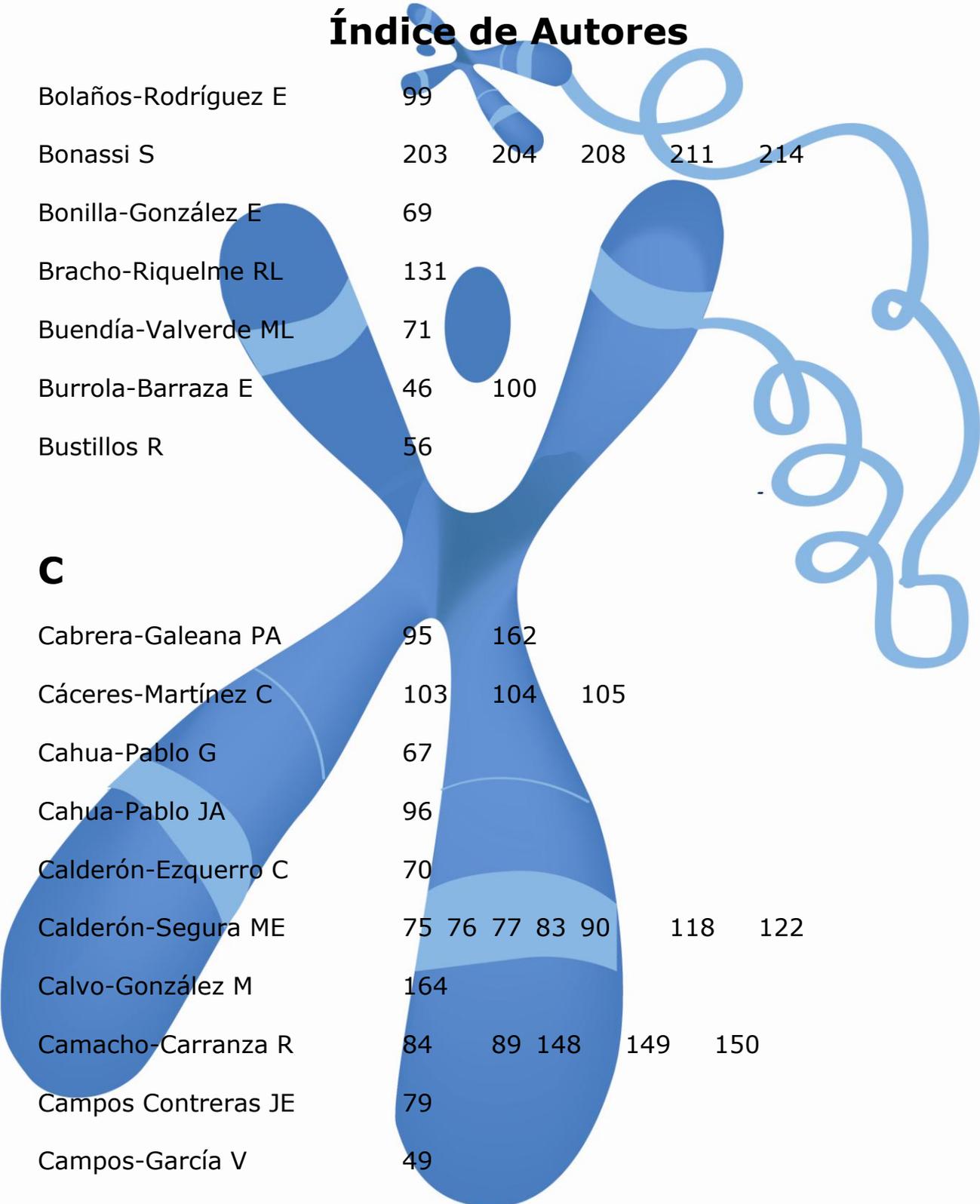


Arellano-Arenas E	129			
Arenas Huertero F	82	109	203	207
Argüelles-Velázquez N	147			
Armas-López L	153			
Arroyo JE	117			
Ávila-Moreno F	153			
Ayala FJ	180			
Ayala-Garay A	174			
Ayala-Luján JL	154	155	156	157

B

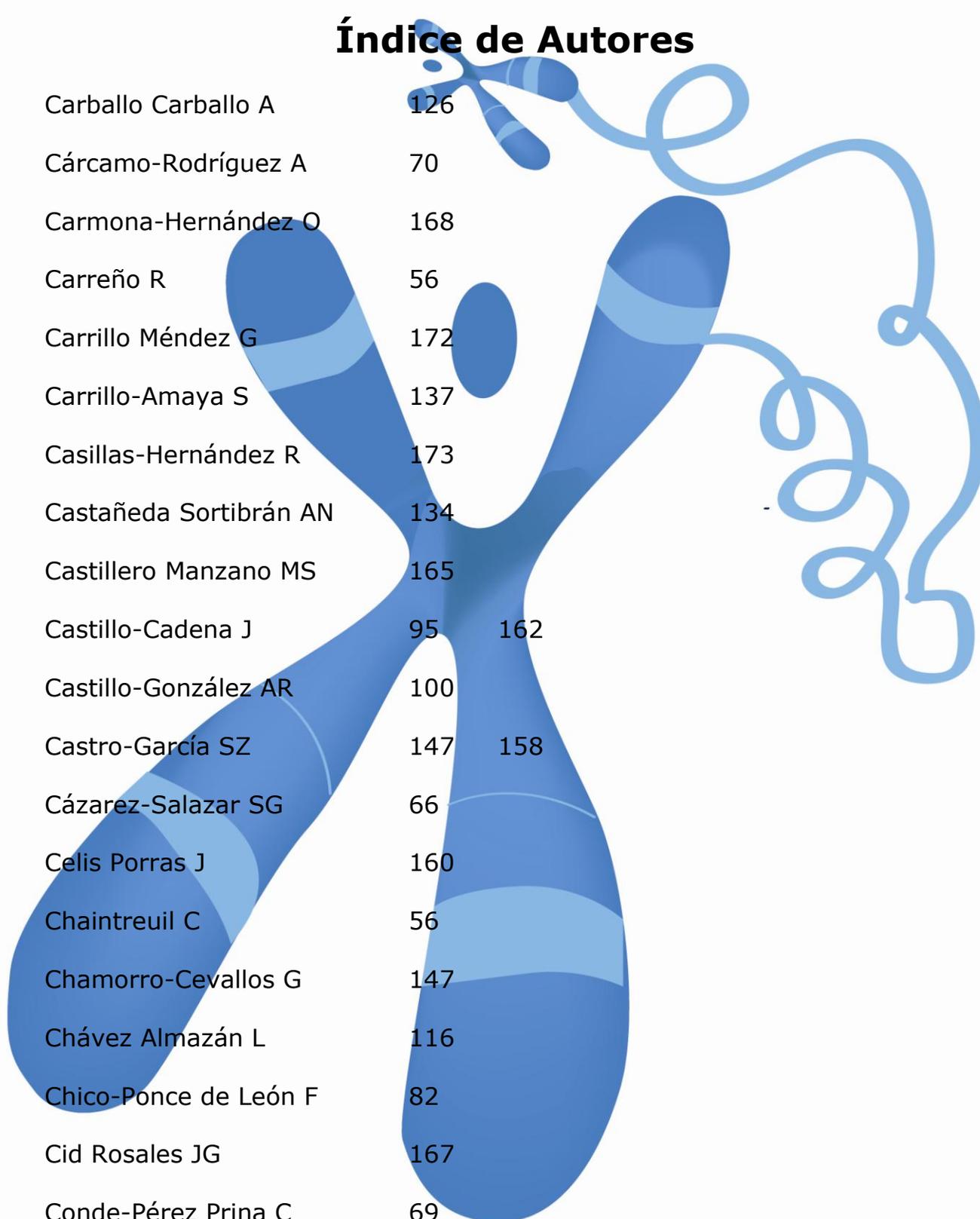
Baldo-Romero MA	78			
Barbadilla Prados A	208	209		
Barriga-Sosa IDLA	97	129	130	
Bautista de Lucio VM	215			
Beristain-Castillo E	89			
Bermúdez-Guzmán MJ	50	51		
Betancourt Rule M	208			
Bibbins Martínez M	65			
Bojórquez-Rangel G	59			
Bolaño-Martínez N	92			

Índice de Autores



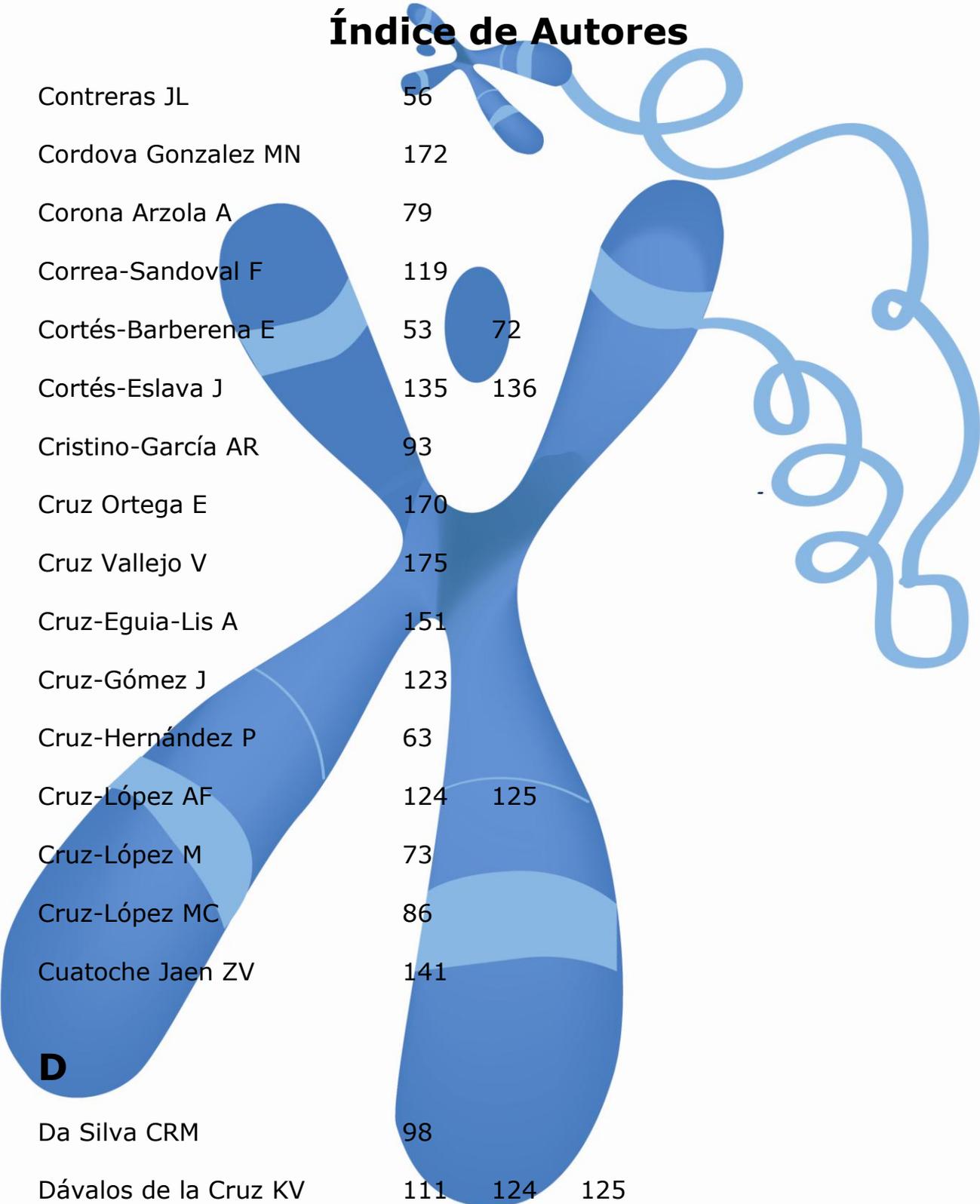
Bolaños-Rodríguez E	99				
Bonassi S	203	204	208	211	214
Bonilla-González E	69				
Bracho-Riquelme RL	131				
Buendía-Valverde ML	71				
Burrola-Barraza E	46	100			
Bustillos R	56				
C					
Cabrera-Galeana PA	95	162			
Cáceres-Martínez C	103	104	105		
Cahua-Pablo G	67				
Cahua-Pablo JA	96				
Calderón-Ezquerro C	70				
Calderón-Segura ME	75	76	77	83	90
				118	122
Calvo-González M	164				
Camacho-Carranza R	84	89	148	149	150
Campos Contreras JE	79				
Campos-García V	49				
Campos-Ramos R	173				
Carbajal-López Y	76	116	122		

Índice de Autores



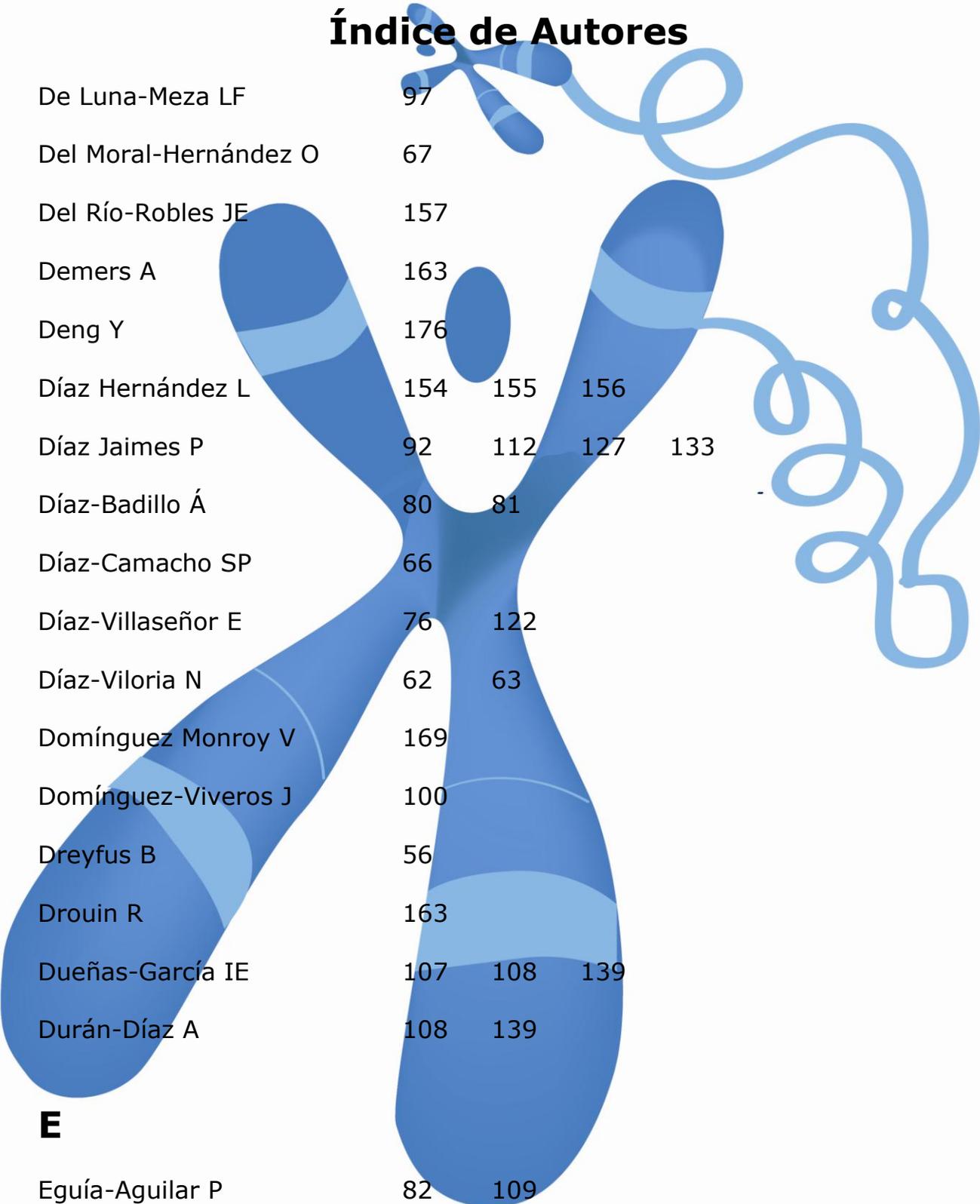
Carballo Carballo A	126	
Cárcamo-Rodríguez A	70	
Carmona-Hernández O	168	
Carreño R	56	
Carrillo Méndez G	172	
Carrillo-Amaya S	137	
Casillas-Hernández R	173	
Castañeda Sortibrán AN	134	
Castillero Manzano MS	165	
Castillo-Cadena J	95	162
Castillo-González AR	100	
Castro-García SZ	147	158
Cázarez-Salazar SG	66	
Celis Porras J	160	
Chaintreuil C	56	
Chamorro-Cevallos G	147	
Chávez Almazán L	116	
Chico-Ponce de León F	82	
Cid Rosales JG	167	
Conde-Pérez Prina C	69	
Contreras Huerta S	141	145

Índice de Autores



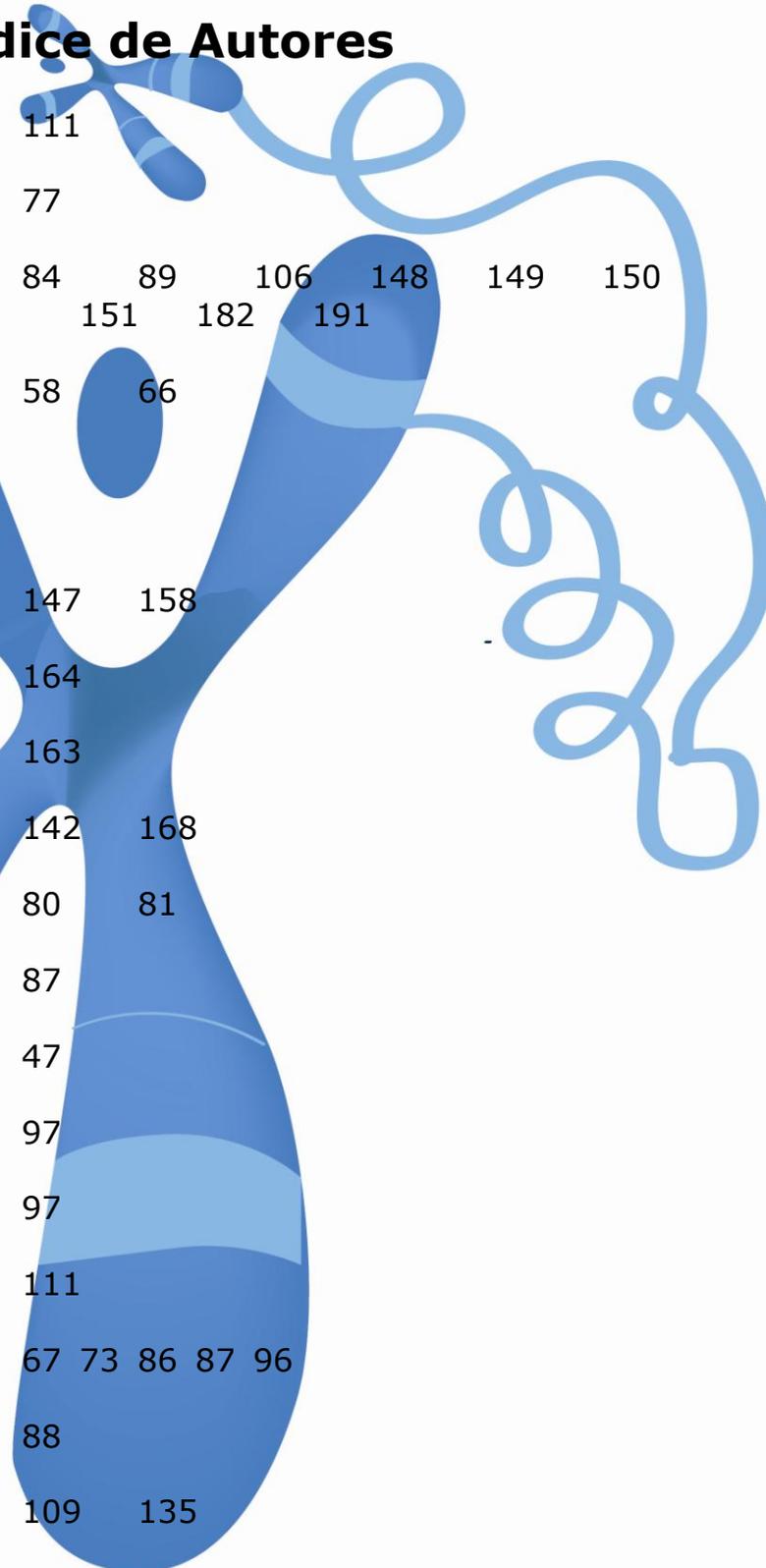
Contreras JL	56
Cordova Gonzalez MN	172
Corona Arzola A	79
Correa-Sandoval F	119
Cortés-Barberena E	53 72
Cortés-Eslava J	135 136
Cristino-García AR	93
Cruz Ortega E	170
Cruz Vallejo V	175
Cruz-Eguia-Lis A	151
Cruz-Gómez J	123
Cruz-Hernández P	63
Cruz-López AF	124 125
Cruz-López M	73
Cruz-López MC	86
Cuatoche Jaen ZV	141
D	
Da Silva CRM	98
Dávalos de la Cruz KV	111 124 125
De la O-Olán M	174

Índice de Autores



De Luna-Meza LF	97			
Del Moral-Hernández O	67			
Del Río-Robles JE	157			
Demers A	163			
Deng Y	176			
Díaz Hernández L	154	155	156	
Díaz Jaimes P	92	112	127	133
Díaz-Badillo Á	80	81		
Díaz-Camacho SP	66			
Díaz-Villaseñor E	76	122		
Díaz-Viloria N	62	63		
Domínguez Monroy V	169			
Domínguez-Viveros J	100			
Dreyfus B	56			
Drouin R	163			
Dueñas-García IE	107	108	139	
Durán-Díaz A	108	139		
E				
Eguía-Aguilar P	82	109		
Enciso López ES	165			

Índice de Autores



Escutia-Guadarrama L	111					
Eslava-Avilés E C	77					
Espinosa-Aguirre JJ	84	89	106	148	149	150
		151	182	191		
Estrada-Aguirre JA	58	66				
F						
Fabián-Tzompantzi F	147	158				
Félix-Gastélum R,	164					
Ferland M	163					
Fernández MS	142	168				
Fernández-López J	80	81				
Fernández-Tilapa G	87					
Ferrer Ortega MM	47					
Fierro PRC	97					
Figueroa LG	97					
Figueroa Vargas IA	111					
Flores-Alfaro E	67	73	86	87	96	
Flores-Estévez N	88					
Flores-Márquez AR	109	135				
Flores-Pérez L	144					
Fraire-Velázquez R	50					

Índice de Autores

Frías Vázquez S

203

G

Galarce-Sosa C

86

Galavíz Silva L

143

Galindo-Reyes JG

57

Galván-Hernández DM

88

García-Arias LM

127

García-Ginez G

148 151

García-Huerta E

107

García-Magallanes N

52

García-Martínez R

76 83 90

García-Pacheco MA

139

García-Rodríguez MC

94

Garduño Solórzano G

79

Garibay-García J

95

Garza-Torres R

173

Gavia-García G

69

Gil-Muñoz A

144

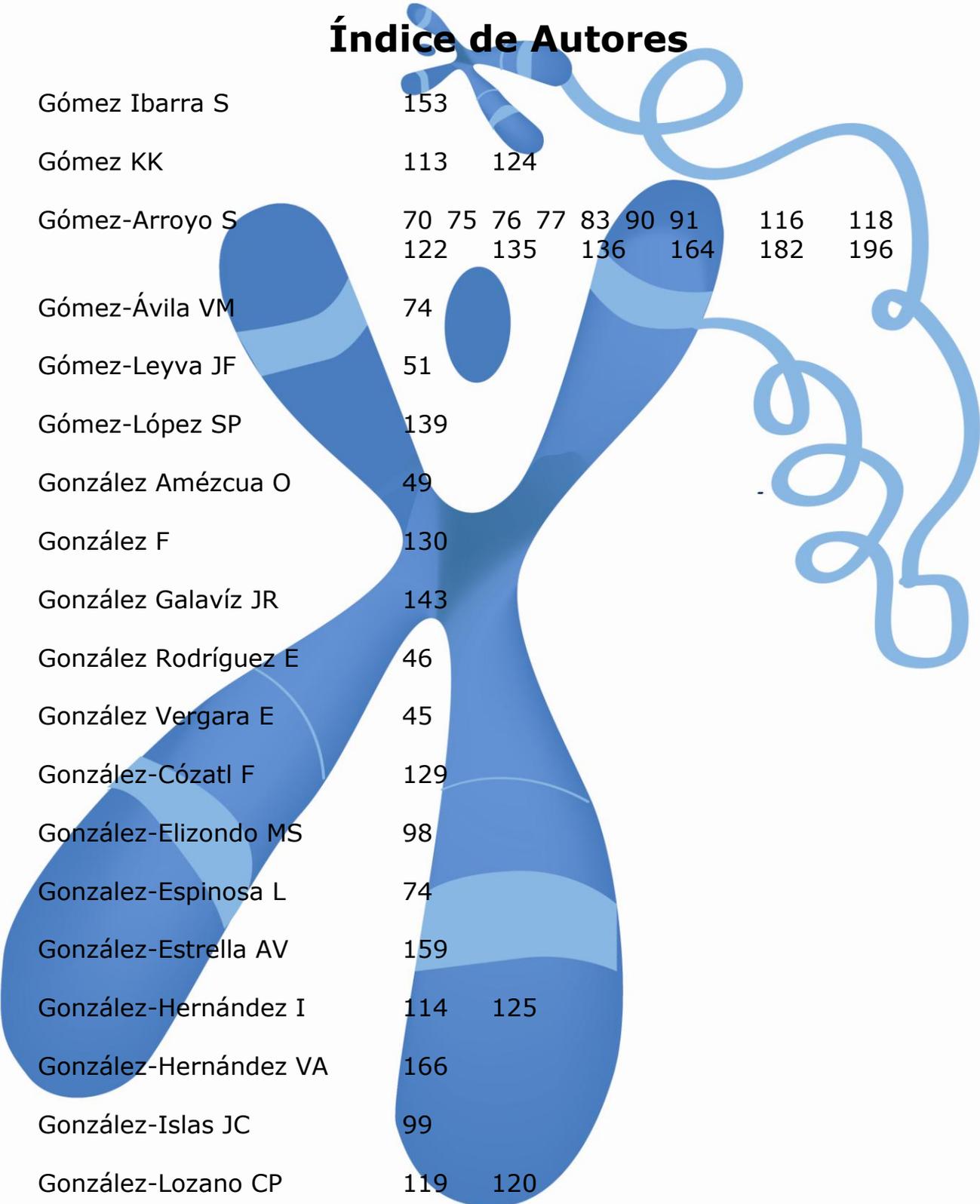
Gómez Corvera A

154 155 156

Gómez Guerrero E

171

Índice de Autores



Gómez Ibarra S	153								
Gómez KK	113	124							
Gómez-Arroyo S	70	75	76	77	83	90	91	116	118
	122	135	136	164	182	196			
Gómez-Ávila VM	74								
Gómez-Leyva JF	51								
Gómez-López SP	139								
González Amézcua O	49								
González F	130								
González Galavíz JR	143								
González Rodríguez E	46								
González Vergara E	45								
González-Cózatl F	129								
González-Elizondo MS	98								
Gonzalez-Espinosa L	74								
González-Estrella AV	159								
González-Hernández I	114	125							
González-Hernández VA	166								
González-Islas JC	99								
González-Lozano CP	119	120							
González-Martínez H	69	72							

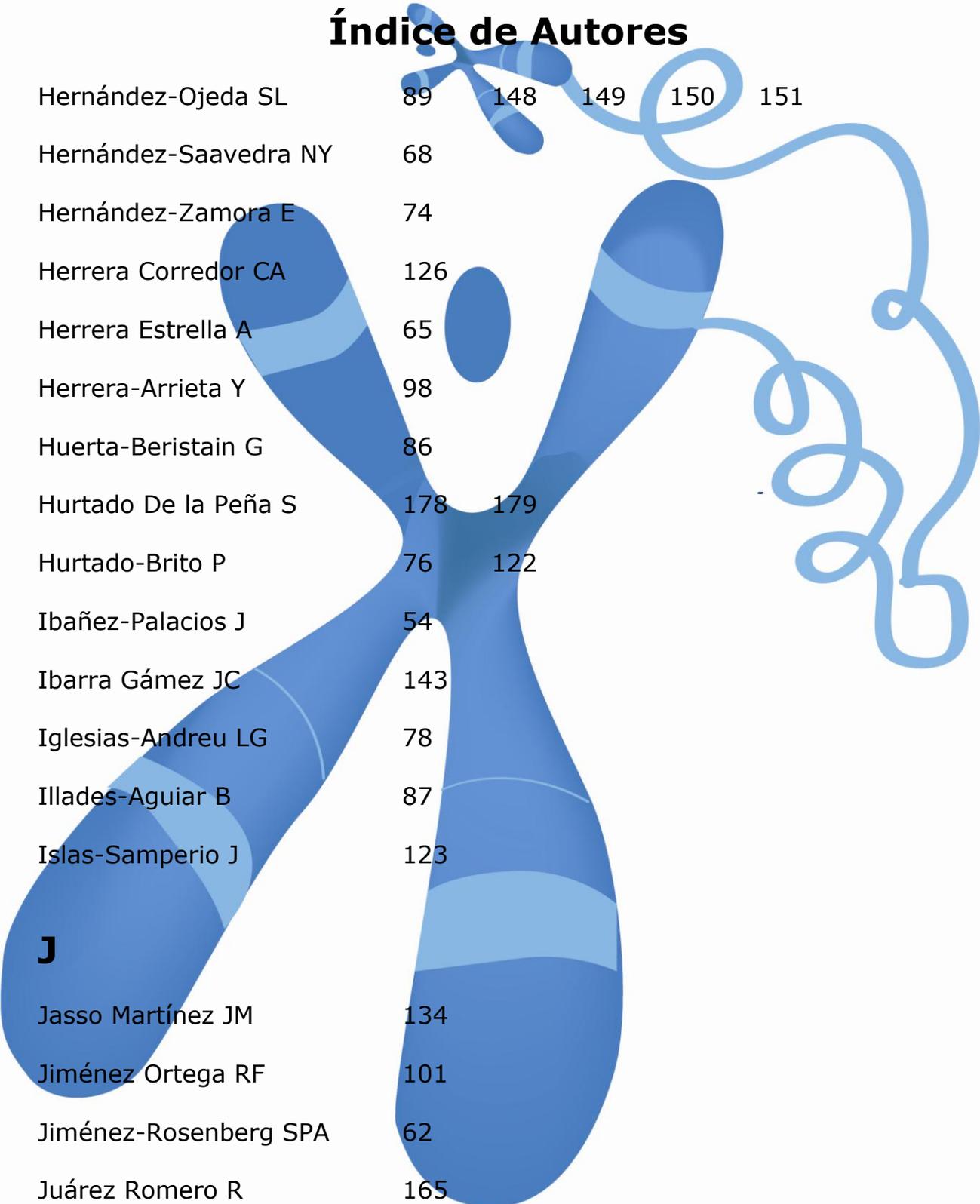
Índice de Autores

González-Rodríguez E	100
González-Torres MC	69
González-Valdez JA	55
Guerrero-Parra HA	70
Guerrero-Rodríguez J de D	144
Gutiérrez-Chávez AS	81
Gutierrez-Salazar DC	73
Guzmán González S	50 51
Guzmán-Rincón J	182 192

H

Hauad L	163
Heres-Pulido ME	107 108 139
Hernández Barrales M	154 155 156 157
Hernández BBR	110 128
Hernández González E	145
Hernández -Ojeda SL	84
Hernández-Bernal BR	161
Hernández-Ceruelos A	61 64
Hernández-Guadarrama BE	150
Hernández-Guzmán JA	144

Índice de Autores



Hernández-Ojeda SL	89	148	149	150	151
Hernández-Saavedra NY	68				
Hernández-Zamora E	74				
Herrera Corredor CA	126				
Herrera Estrella A	65				
Herrera-Arrieta Y	98				
Huerta-Beristain G	86				
Hurtado De la Peña S	178	179			
Hurtado-Brito P	76	122			
Ibañez-Palacios J	54				
Ibarra Gámez JC	143				
Iglesias-Andreu LG	78				
Illades-Aguiar B	87				
Islas-Samperio J	123				
J					
Jasso Martínez JM	134				
Jiménez Ortega RF	101				
Jiménez-Rosenberg SPA	62				
Juárez Romero R	165				
Jullian-Montañez AG	120				

Índice de Autores

K

Koninsberg-Fainsten M 69

Krabchi K 163

Kumate Rodríguez J 164

L

Lagarda-Escarrega A 164

Lamoureux J 163

Langlois M 163

Le Queré A 56

León Rangel L 134

Leyva-Vázquez MA 67 87 96

Llamas-Covarrubias IM 142

Loera-Castañeda GA 131

Loera-Castañeda V 131

López PA 144 166

López Pérez SR 165

López Saucedo A 154 155 157

López-Martínez J 68

López-Muraira IG 51

López-Romero L 158

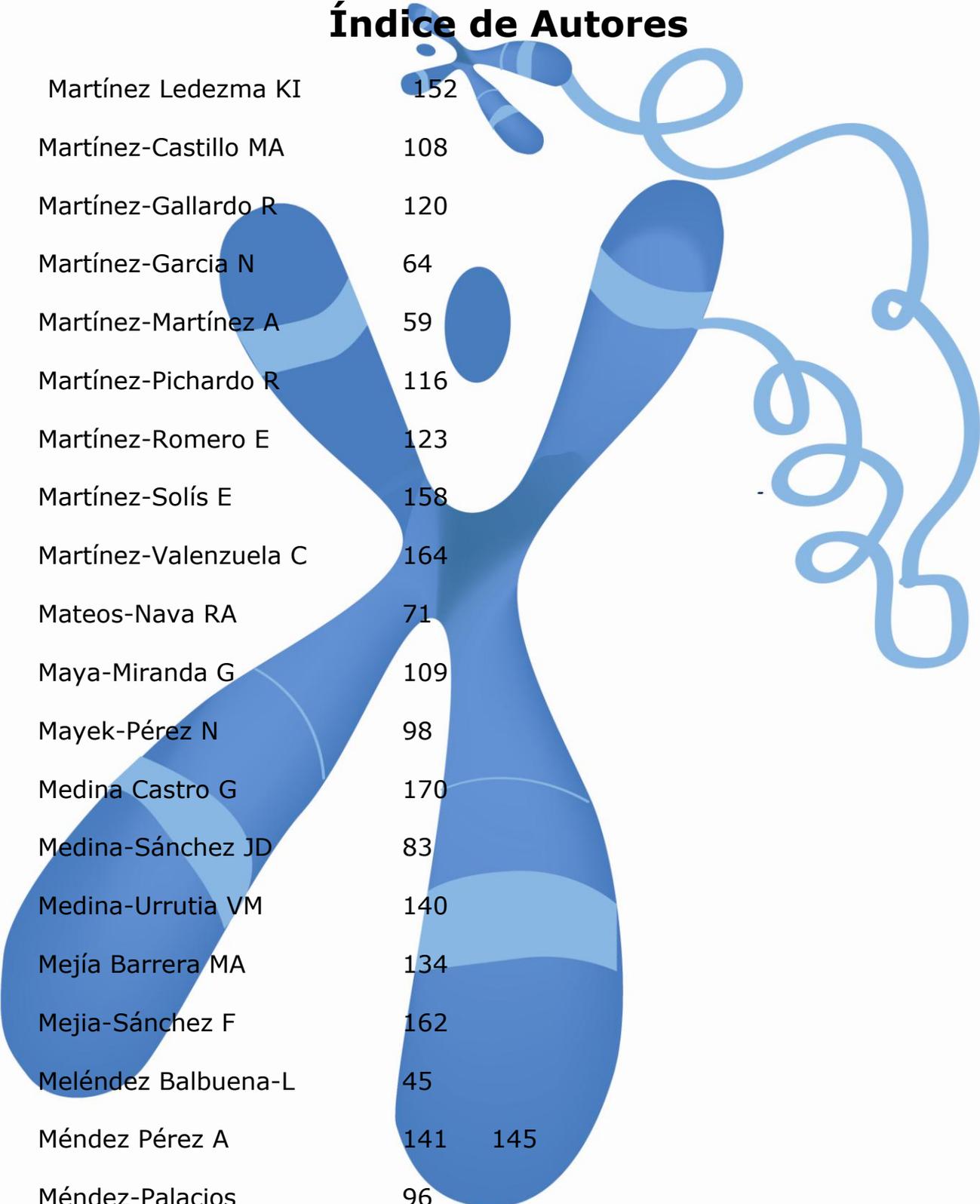
Índice de Autores

López-Trinidad BP	113	114	
López-Sánchez H	144	166	174
López-Satillán I	64		
López-Saucedo A	156		
Lozada-García JA	88	168	
Lu M	163		
Luna A	69		
Luque Ortega F	52		

M

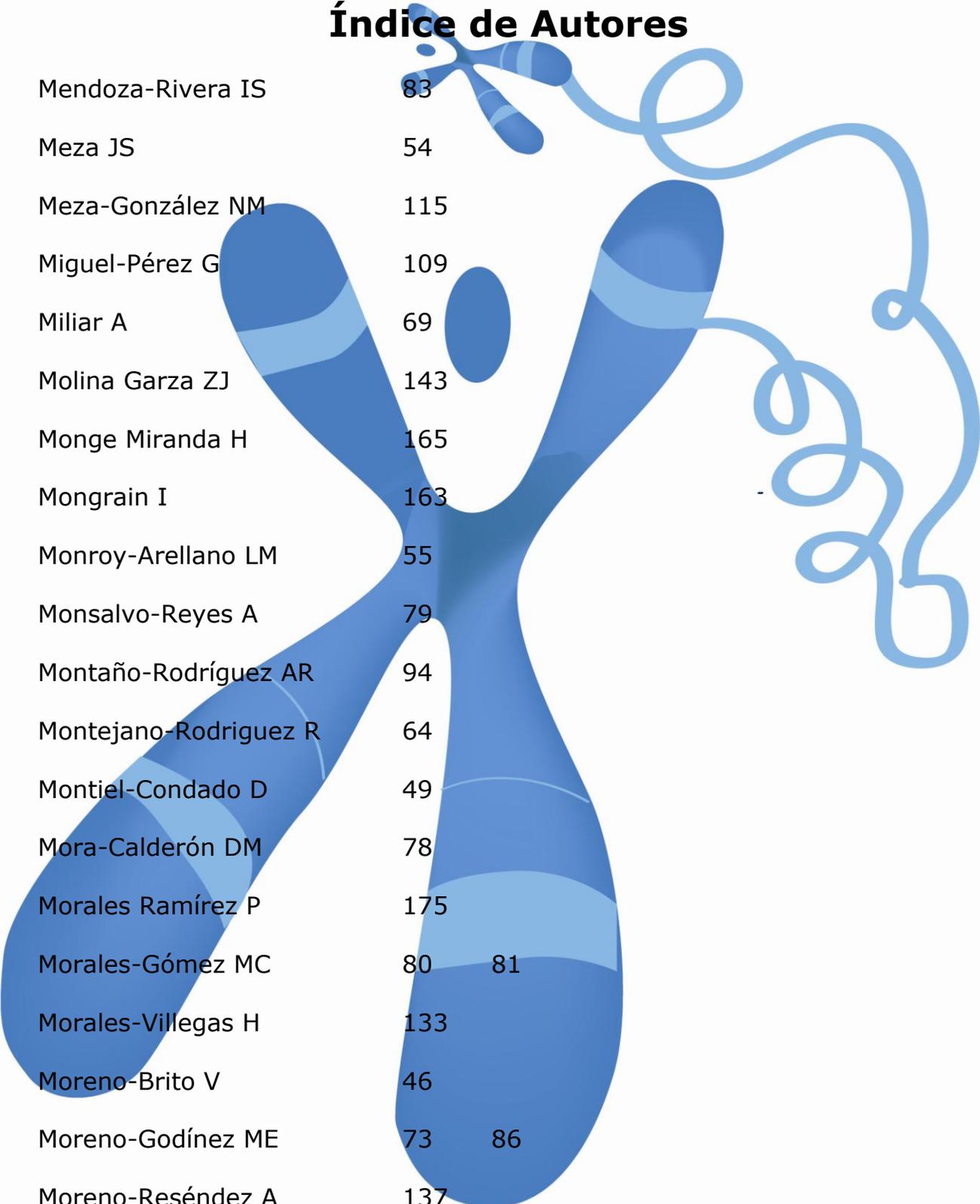
Macías C	106		
Macias Flores MA	167	170	172
Macías-Salas A	131		
Madrigal-Bujaidar E	147	158	
Maldonado Perez FB	167		
Mares Esparza AJ	170		
Marín Sánchez J	126		
Márquez-Becerra C	180	182	18
Marroquín-Pérez AL	136		
Martínez García M	79		
Martínez González KK	101		

Índice de Autores



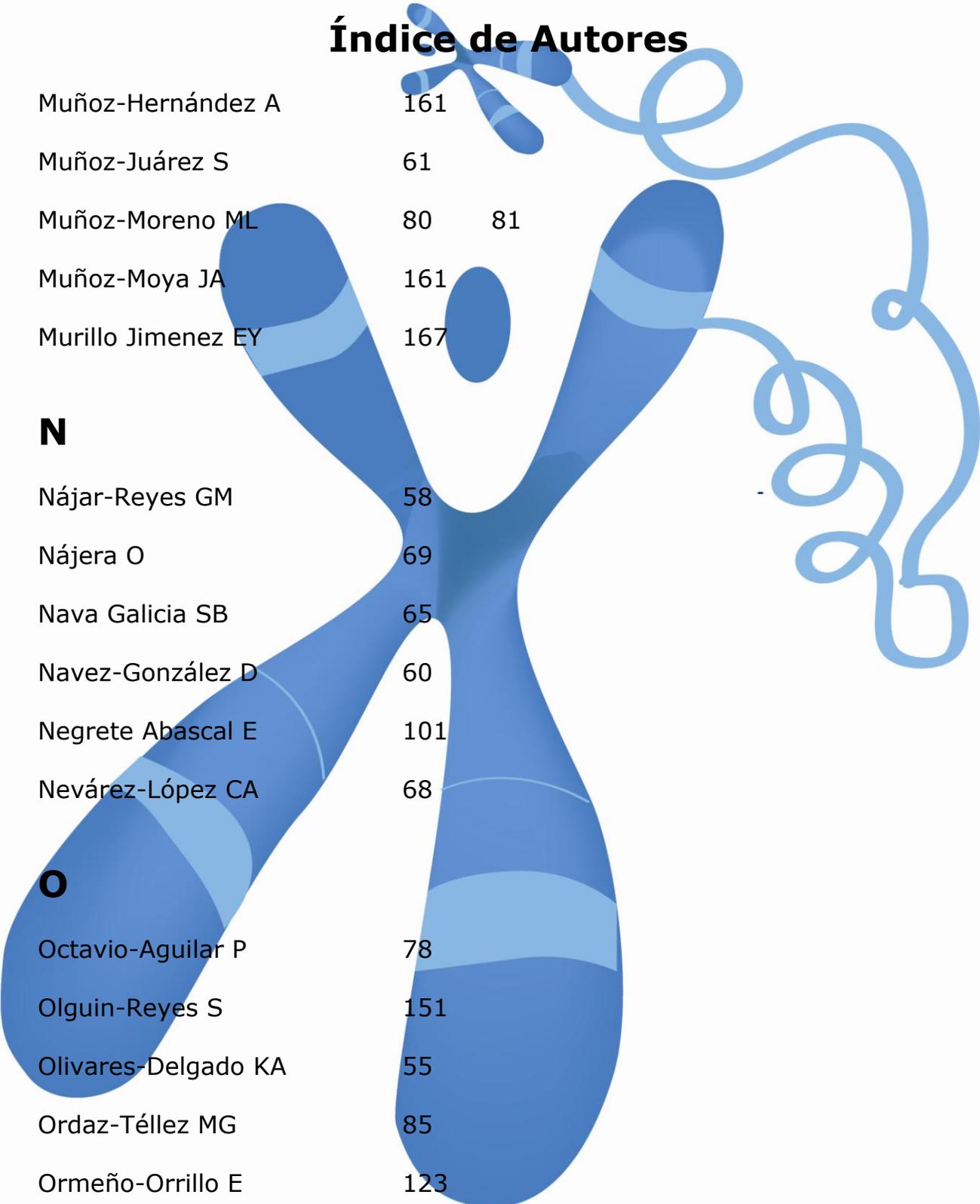
Martínez Ledezma KI	152	
Martínez-Castillo MA	108	
Martínez-Gallardo R	120	
Martínez-García N	64	
Martínez-Martínez A	59	
Martínez-Pichardo R	116	
Martínez-Romero E	123	
Martínez-Solís E	158	
Martínez-Valenzuela C	164	
Mateos-Nava RA	71	
Maya-Miranda G	109	
Mayek-Pérez N	98	
Medina Castro G	170	
Medina-Sánchez JD	83	
Medina-Urrutia VM	140	
Mejía Barrera MA	134	
Mejía-Sánchez F	162	
MeléndeZ Balbuena-L	45	
Méndez Pérez A	141	145
Méndez-Palacios	96	
Mendez-Patrón A	73	

Índice de Autores



Mendoza-Rivera IS	83
Meza JS	54
Meza-González NM	115
Miguel-Pérez G	109
Miliar A	69
Molina Garza ZJ	143
Monge Miranda H	165
Mongrain I	163
Monroy-Arellano LM	55
Monsalvo-Reyes A	79
Montaño-Rodríguez AR	94
Montejano-Rodríguez R	64
Montiel-Condado D	49
Mora-Calderón DM	78
Morales Ramírez P	175
Morales-Gómez MC	80
Morales-Villegas H	133
Moreno-Brito V	46
Moreno-Godínez ME	73
Moreno-Reséndez A	137
Munive JA	56

Índice de Autores



Muñoz-Hernández A	161
Muñoz-Juárez S	61
Muñoz-Moreno ML	80 81
Muñoz-Moya JA	161
Murillo Jimenez EY	167

N

Nájar-Reyes GM	58
Nájera O	69
Nava Galicia SB	65
Navez-González D	60
Negrete Abascal E	101
Nevárez-López CA	68

O

Octavio-Aguilar P	78
Olguin-Reyes S	151
Olivares-Delgado KA	55
Ordaz-Téllez MG	85
Ormeño-Orrillo E	123
Ortega Monjarras G	172

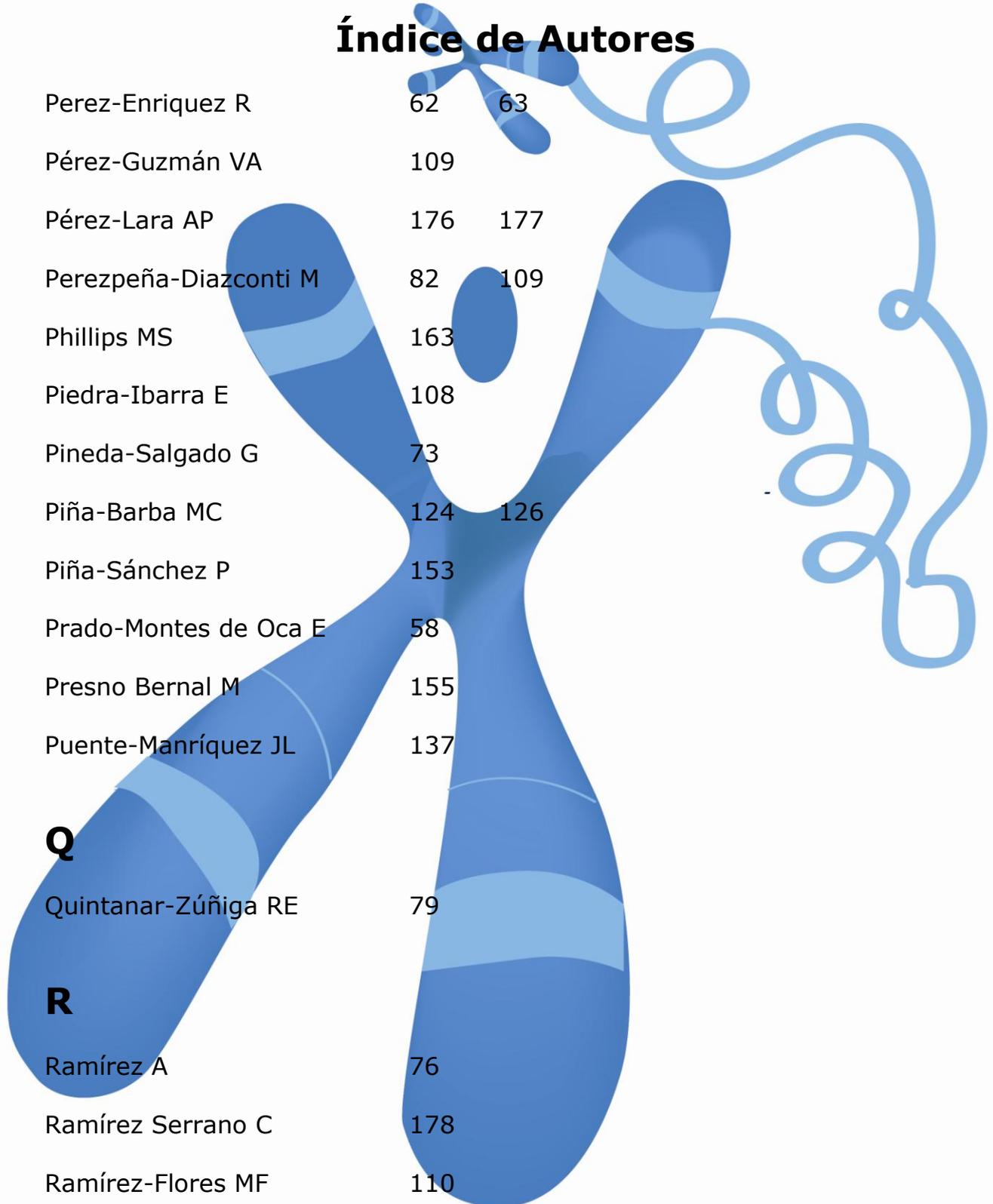
Índice de Autores

Ortega-Martínez D	164
Ortiz Espinosa R	61
Ortiz Muñiz R	53 72
Ortiz-Quintero B	153
Ortiz-Torres E	144
Osuna-Ramírez I	48 58 66

P

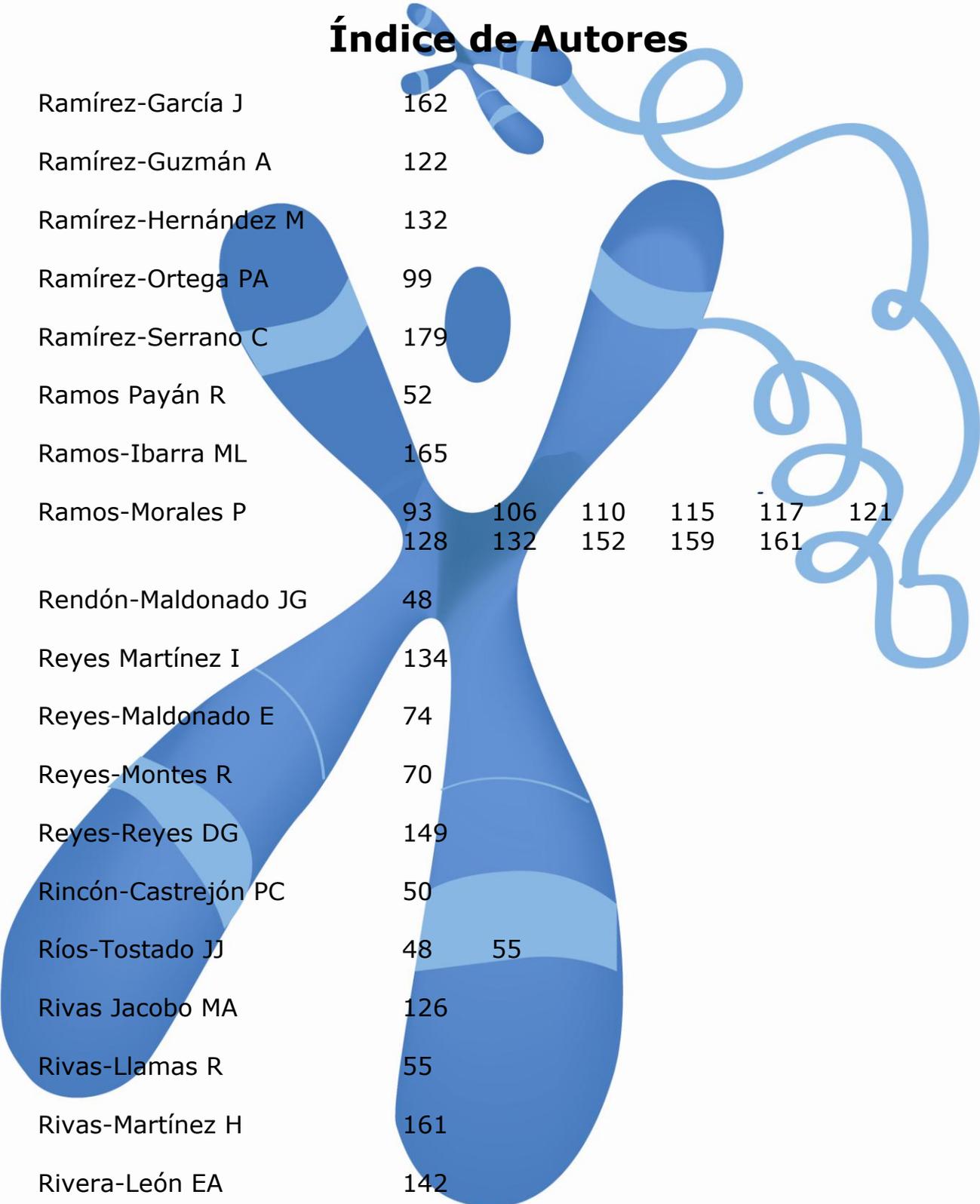
Pacheco Martínez MM	53
Padilla López MA	134
Palacios-López CS	107
Palmeros-Sánchez B	142
Paniagua CCG	97
Paredes-Gutiérrez L	178 179
Parra-Rojas I	67
Patlan-Rodríguez A	80
Pellegrini-Loera F	164
Peralta-Álvarez C	153
Peraza-Vega RI	85
Pérez Benítez-A	45
Pérez Parada C J	65

Índice de Autores



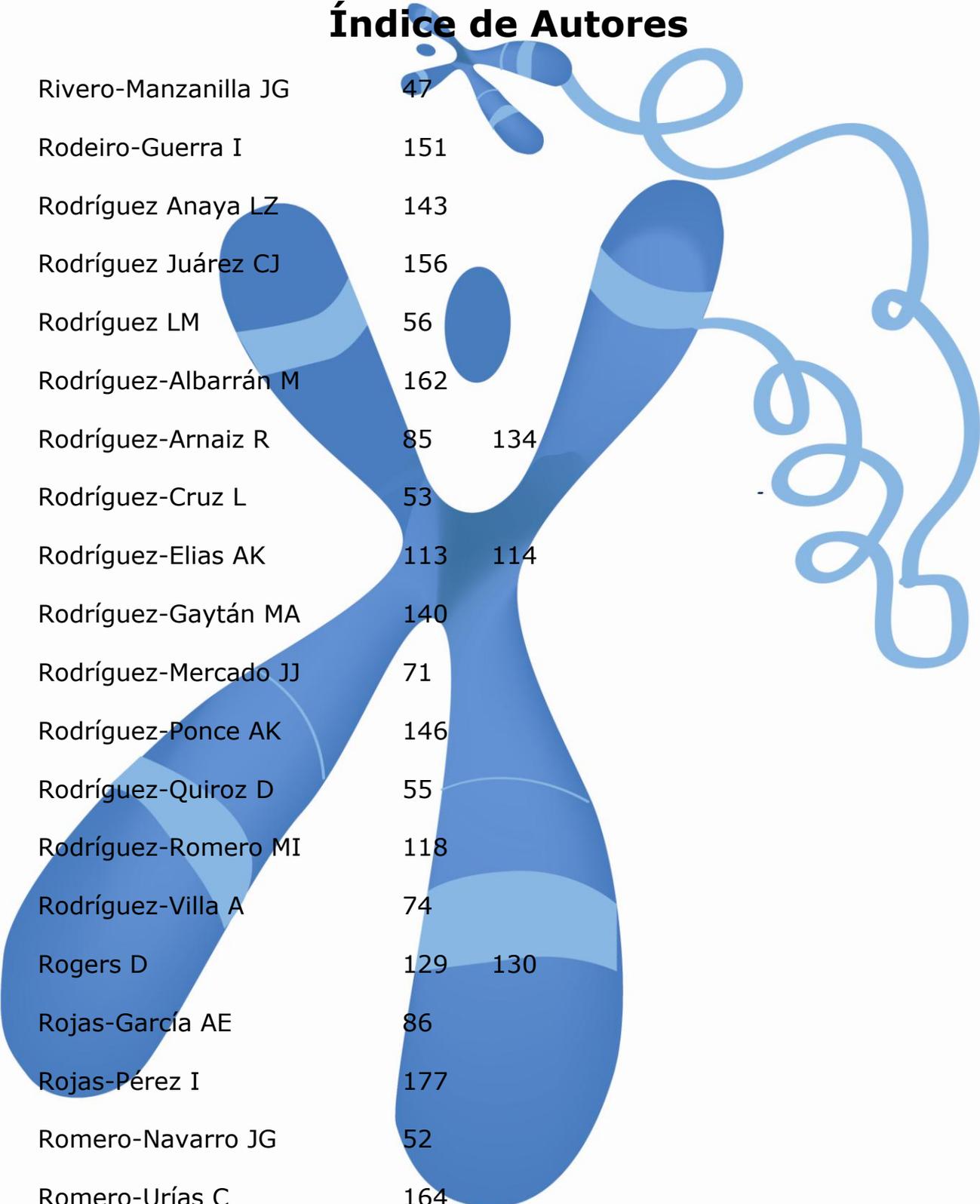
Perez-Enriquez R	62	63
Pérez-Guzmán VA	109	
Pérez-Lara AP	176	177
Perezpeña-Diazconti M	82	109
Phillips MS	163	
Piedra-Ibarra E	108	
Pineda-Salgado G	73	
Piña-Barba MC	124	126
Piña-Sánchez P	153	
Prado-Montes de Oca E	58	
Presno Bernal M	155	
Puente-Manríquez JL	137	
Q		
Quintanar-Zúñiga RE	79	
R		
Ramírez A	76	
Ramírez Serrano C	178	
Ramírez-Flores MF	110	
Ramírez-Flores OM	128	

Índice de Autores



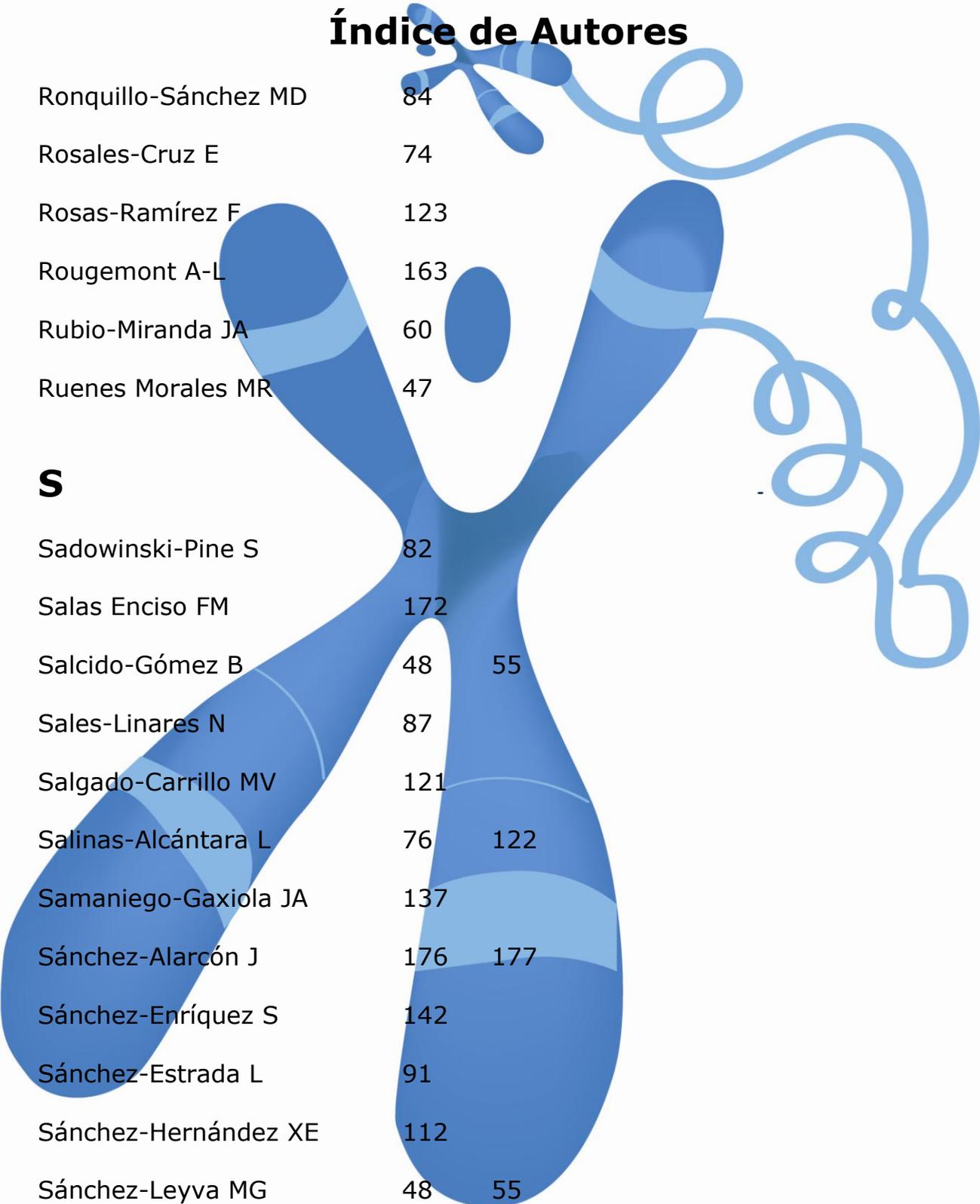
Ramírez-García J	162					
Ramírez-Guzmán A	122					
Ramírez-Hernández M	132					
Ramírez-Ortega PA	99					
Ramírez-Serrano C	179					
Ramos Payán R	52					
Ramos-Ibarra ML	165					
Ramos-Morales P	93	106	110	115	117	121
	128	132	152	159	161	
Rendón-Maldonado JG	48					
Reyes Martínez I	134					
Reyes-Maldonado E	74					
Reyes-Montes R	70					
Reyes-Reyes DG	149					
Rincón-Castrejón PC	50					
Ríos-Tostado JJ	48	55				
Rivas Jacobo MA	126					
Rivas-Llamas R	55					
Rivas-Martínez H	161					
Rivera-León EA	142					
Rivera-Rivera GL	136					

Índice de Autores



Rivero-Manzanilla JG	47	
Rodeiro-Guerra I	151	
Rodríguez Anaya LZ	143	
Rodríguez Juárez CJ	156	
Rodríguez LM	56	
Rodríguez-Albarrán M	162	
Rodríguez-Arnaiz R	85	134
Rodríguez-Cruz L	53	
Rodríguez-Elias AK	113	114
Rodríguez-Gaytán MA	140	
Rodríguez-Mercado JJ	71	
Rodríguez-Ponce AK	146	
Rodríguez-Quiroz D	55	
Rodríguez-Romero MI	118	
Rodríguez-Villa A	74	
Rogers D	129	130
Rojas-García AE	86	
Rojas-Pérez I	177	
Romero-Navarro JG	52	
Romero-Urías C	164	
Ron-Parra J	146	

Índice de Autores

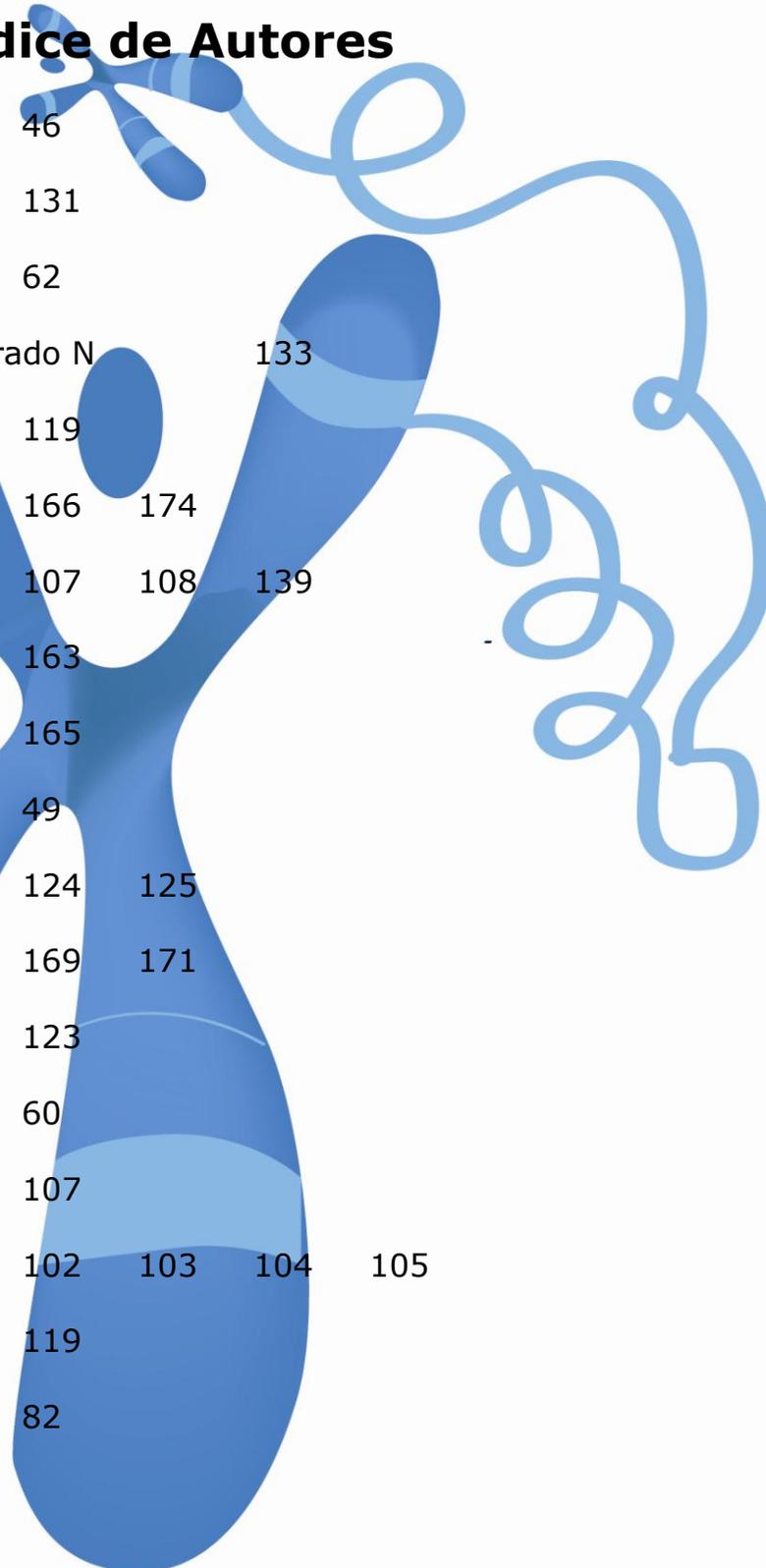


Ronquillo-Sánchez MD	84
Rosales-Cruz E	74
Rosas-Ramírez F	123
Rougemont A-L	163
Rubio-Miranda JA	60
Ruenes Morales MR	47

S

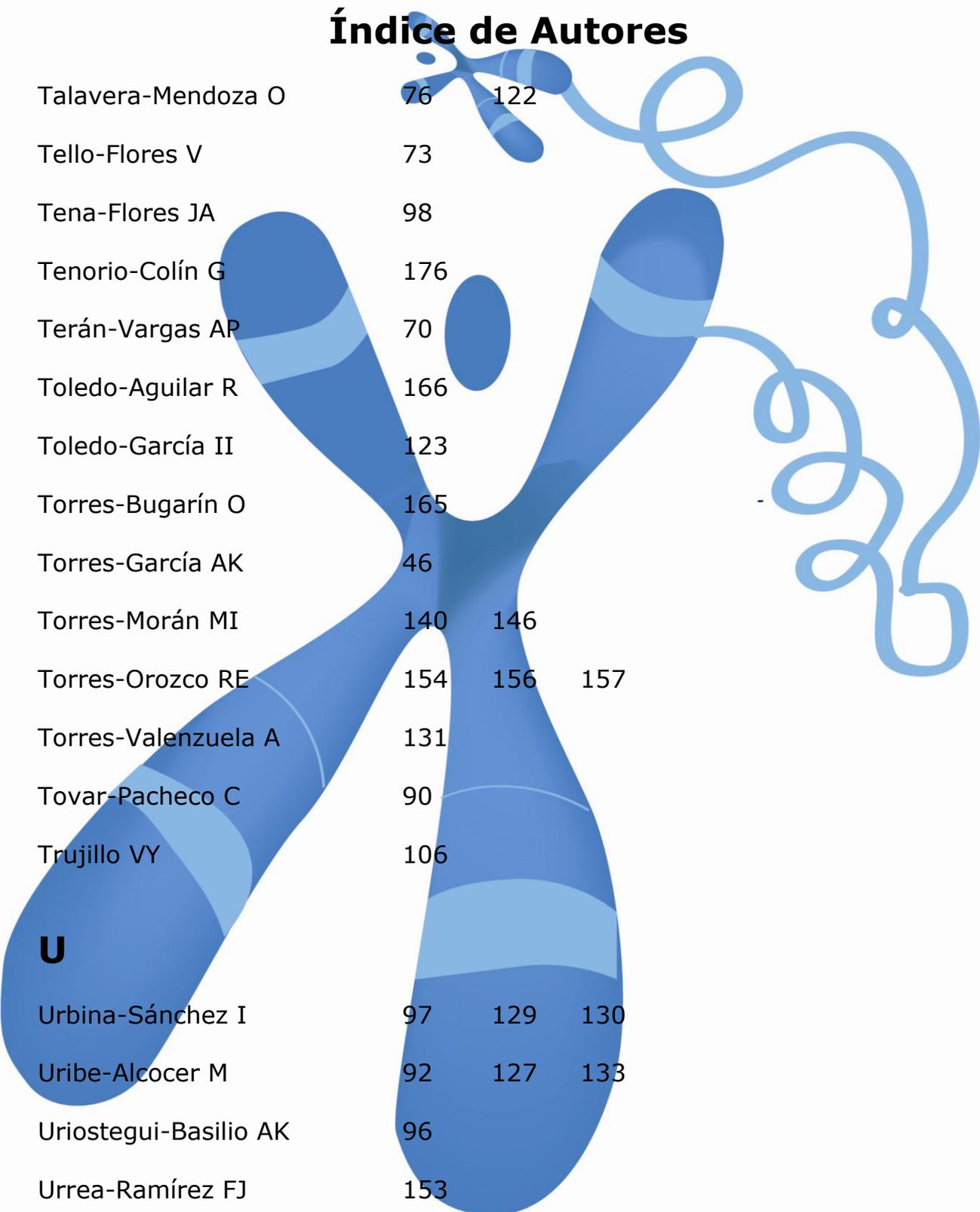
Sadowinski-Pine S	82	
Salas Enciso FM	172	
Salcido-Gómez B	48	55
Sales-Linares N	87	
Salgado-Carrillo MV	121	
Salinas-Alcántara L	76	122
Samaniego-Gaxiola JA	137	
Sánchez-Alarcón J	176	177
Sánchez-Enríquez S	142	
Sánchez-Estrada L	91	
Sánchez-Hernández XE	112	
Sánchez-Leyva MG	48	55
Sánchez-Meza JC	95	

Índice de Autores



Sánchez-Ramírez B	46			
Sánchez-Ramírez JP	131			
Sánchez-Velasco L	62			
Sandoval-Laurrabaquio Alvarado N	133			
Santacruz-López E	119			
Santacruz-Varela A	166	174		
Santos-Cruz LF	107	108	139	
Sartelet H	163			
Saucedo Ortiz JA	165			
Saucedo-Cárdenas O	49			
Schiavon S	124	125		
Serment Guerrero J	169	171		
Servin-Garcidueñas L	123			
Sierra-Martínez P	60			
Silva-Calzada J	107			
Sobrino-Figueroa A.S.	102	103	104	105
Solana-Arellano ME	119			
Solís-Paredes M	82			
T				
Taboada-Gaytán OR	144			

Índice de Autores



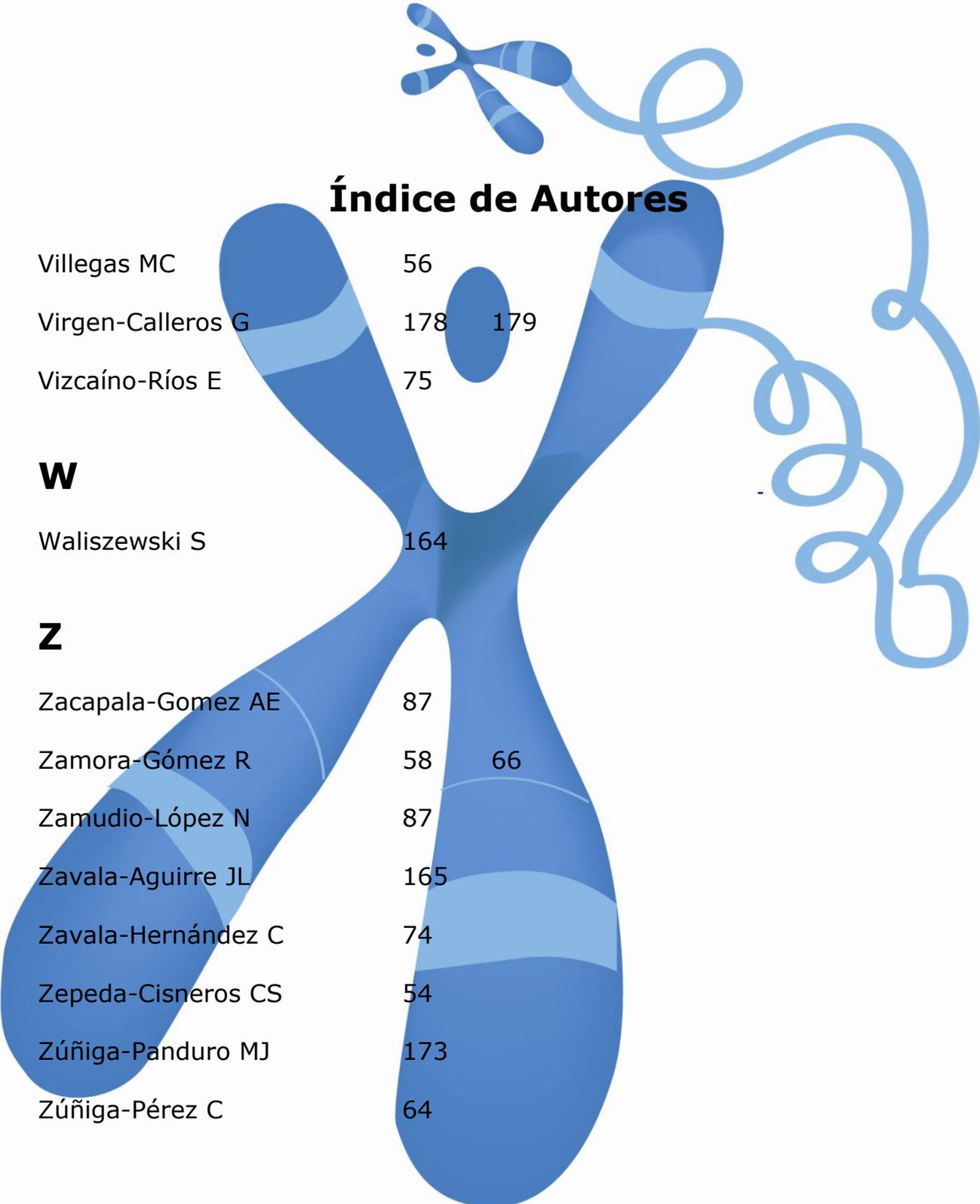
Talavera-Mendoza O	76	122	
Tello-Flores V	73		
Tena-Flores JA	98		
Tenorio-Colín G	176		
Terán-Vargas AP	70		
Toledo-Aguilar R	166		
Toledo-García II	123		
Torres-Bugarín O	165		
Torres-García AK	46		
Torres-Morán MI	140	146	
Torres-Orozco RE	154	156	157
Torres-Valenzuela A	131		
Tovar-Pacheco C	90		
Trujillo VY	106		
U			
Urbina-Sánchez I	97	129	130
Uribe-Alcocer M	92	127	133
Uriostegui-Basilio AK	96		
Urrea-Ramírez FJ	153		

Índice de Autores

V

Vaca S	101					
Valadez-Ramírez P	50					
Valdez-Chávez K	66					
Valdez-Holguín JE	68					
Valencia-Botín A	178	179				
Valencia-Quintana R	176	177				
Valladares-Salgado A	73					
Vallarino Kelly T	175					
Vanzela ALL	98					
Vaquera-Huerta H	166					
Vázquez C	101					
Vázquez Ramírez R	164					
Vázquez-Alvarado P	61					
Velarde-Félix JS	48	55	58	66		
Vences-Velázquez A	96					
Vera-Ramírez N	59					
Villagrán SM	106					
Villalobos-Pietrini R	91	109	116	135	136	164
	203	205				
Villarreal-Escamilla PC	58					

Índice de Autores



Villegas MC	56
Virgen-Calleros G	178 179
Vizcaíno-Ríos E	75

W

Waliszewski S	164
---------------	-----

Z

Zacapala-Gomez AE	87
Zamora-Gómez R	58 66
Zamudio-López N	87
Zavala-Aguirre JL	165
Zavala-Hernández C	74
Zepeda-Cisneros CS	54
Zúñiga-Panduro MJ	173
Zúñiga-Pérez C	64