

REVista INTERNacional de CONTAMinación AMBIEntal

volumen 29, suplemento 4, 2013

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

MEMORIAS

CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA

Editores

**JUANA SÁNCHEZ-ALARCÓN
RAFAEL VALENCIA-QUINTANA
SANDRA GÓMEZ-ARROYO
RAFAEL VILLALOBOS-PIETRINI
CLAUDIO AMESCUA-GARCÍA**

Rev. Int. Contam. Ambie. 29, Supl. 4, 2013

REVista INTERNacional de CONTAMinación AMBIEntal

volumen 29, suplemento 4, 2013

ISSN – 0188 4999

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

MEMORIAS

CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Congreso Nacional de Genética 2013
Manzanillo, Colima 2-4 de octubre

Índice

Página

Mesa directiva
Sociedad Mexicana de Genética 2011-2013

5

Autoridades del INIFAP, Dirección General
Autoridades del INIFAP, Campo Experimental Tecomán
Autoridades Universidad de Colima

7

9

11

Comité Científico

13

Comités Organizadores

15

Agradecimientos

21

Patrocinadores

23

Programa General

25

Curso precongreso: Detección de fitopatógenos mediante RT-PCR y
PCR tiempo real

27

Simposio precongreso: Genética en bovinos carne

31

Congreso Nacional de Genética 2013

33

Trabajos libres sesión 1

41

Trabajos libres sesión 2

41

Trabajos libres sesión 3

42

Trabajos libres sesión 4

42

Carteles sesión 1

43

Trabajos libres sesión 5

49

Trabajos libres sesión 6

50

Trabajos libres sesión 7

51

Trabajos libres sesión 8

52

Carteles sesión 2

53

Trabajos libres sesión 9

59

Trabajos libres sesión 10

60

Congreso Nacional de Genética 2013
Manzanillo, Colima 2-4 de octubre

Resúmenes

61

Índice de autores

213

Índice de Instituciones

231

Índice por entidad

243

Índice de resúmenes

247

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

MESA DIRECTIVA 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

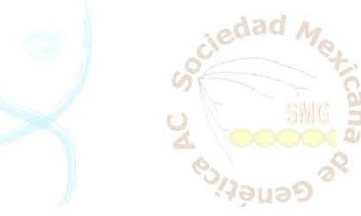
DR. JORGE EDUARDO CAMPOS CONTRERAS

FES-Iztacala UNAM

DRA. AMÉRICA NIXTIN CASTAÑEDA SORTIBRÁN

Facultad de Ciencias UNAM

VOCAL



Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

INIFAP
Dirección General

DR. PEDRO BRAJCICH GALLEGOS
DIRECTOR GENERAL

DR. KEIR FRANCISCO BYERLY MURPHY
DIRECTOR REGIONAL DEL CIRPAC-INIFAP

LIC. MIGUEL MÉNDEZ GONZÁLEZ
DIRECTOR DE ADMINISTRACIÓN DEL CIRPAC-INIFAP

DR. GERARDO SALAZAR GUTIÉRREZ
DIRECTOR DE INVESTIGACIÓN DEL CIRPAC-INIFAP

M. EN C. PRIMITIVO DÍAZ MEDEROS
DIRECTOR DE PLANEACIÓN DEL CIRPAC-INIFAP

M. EN C. ISAAC VIZCAÍNO VARGAS
DIRECTOR DE COORDINACIÓN Y VINCULACIÓN EN COLIMA



Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

INIFAP
CAMPO EXPERIMENTAL TECOMÁN

M. EN C. ISAAC VIZCAÍNO VARGAS
DICOVI-JEFE DE CAMPO

DR. MARIO OROZCO SANTOS
FITOPATOLOGÍA

M. EN C. HÉCTOR MIGUEL OLIVARES SOTO
FRUTALES TROPICALES

ING. ABRAHAM GARCÍA BERBER
MAÍZ

M. EN C. ROSA MARTÍNEZ PAMATZ
FERTILIDAD DE SUELOS Y SUSTRATOS

M. EN C. ALEJANDRO YÁÑEZ MUÑOZ
TRANSFERENCIA DE TECNOLOGÍA PECUARIA

DR. ALFREDO GONZÁLEZ SOTELO
FORRAJES

M. EN C. NAYELI SARAHI QUIÑONES ISLAS
BIOENERGÍA

M. EN C. MANUEL SILVA LUNA
BOVINOS, PASTOS Y FORRAJES

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

INIFAP
CAMPO EXPERIMENTAL TECOMÁN
(CONTINUACIÓN)

M. EN C. MIGUEL ÁNGEL MANZANILLA RAMÍREZ
LIMÓN MEXICANO

DR. JOSÉ JOAQUÍN VELÁZQUEZ MONREAL
FITOPATOLOGÍA

ING. SILVIA HERÉNDIRA CARRILLO MEDRANO
LIMÓN MEXICANO

M. EN C. RUBÉN ORTEGA ARREOLA
ARRÓZ Y FRUTAS TROPICALES

ING. MARCELINO ÁLVAREZ CILVA
CAÑA DE AZÚCAR

ING. JOSÉ CONCEPCIÓN GARCÍA PRECIADO
CAÑA DE AZÚCAR

ING. JEOVANI FRANCISCO CERVANTES PRECIADO
CAÑA DE AZÚCAR

M. EN C. MANUEL DE JESÚS BERMÚDEZ GUZMÁN
CAÑA DE AZÚCAR

M. EN C. ALTAGRACIA REYES CASTILLO
CAÑA DE AZÚCAR

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Universidad de Colima

M.A. JOSÉ EDUARDO HERNÁNDEZ NAVA
RECTOR DE LA UNIVERSIDAD DE COLIMA

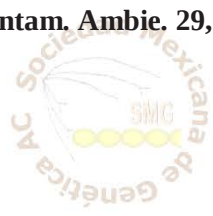
DRA. MARTHA ALICIA MAGAÑA ECHEVERRÍA
COORDINADORA GENERAL DE DOCENCIA

DR. CARLOS EDUARDO MONROY GALINDO
DIRECTOR GENERAL DE EDUCACIÓN SUPERIOR

DR. ALFREDO ARANDA FERNÁNDEZ
COORDINADOR GENERAL DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA

M.A. LORENA HERNÁNDEZ RUÍZ
DELEGADA REGIONAL NO. 2

DR. SALVADOR GUZMÁN GONZÁLEZ
DIRECTOR DE LA FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y AGROPECUARIAS



Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

COMITÉ CIENTÍFICO

DR. PEDRO RAFAEL VALENCIA QUINTANA

Universidad Autónoma de Tlaxcala
PRESIDENTE

M. EN C. JUANA SÁNCHEZ ALARCÓN

Universidad Autónoma de Tlaxcala

DR., FRANCISCO ARENAS HUERTERO

LABORATORIO DE PATOLOGÍA, HOSPITAL FEDERICO GÓMEZ

DRA. JULIETA CASTILLO CADENA

Universidad Autónoma del Estado de México

DR. JORGE EDUARDO CAMPOS CONTRERAS

FES-Iztacala UNAM

DRA. AMÉRICA NIXTIN CASTAÑEDA SORTIBRÁN

Facultad de Ciencias UNAM

DRA. MARÍA DEL SOCORRO FERNÁNDEZ

Universidad Veracruzana

DRA. BEATRIZ PALMEROS SÁNCHEZ

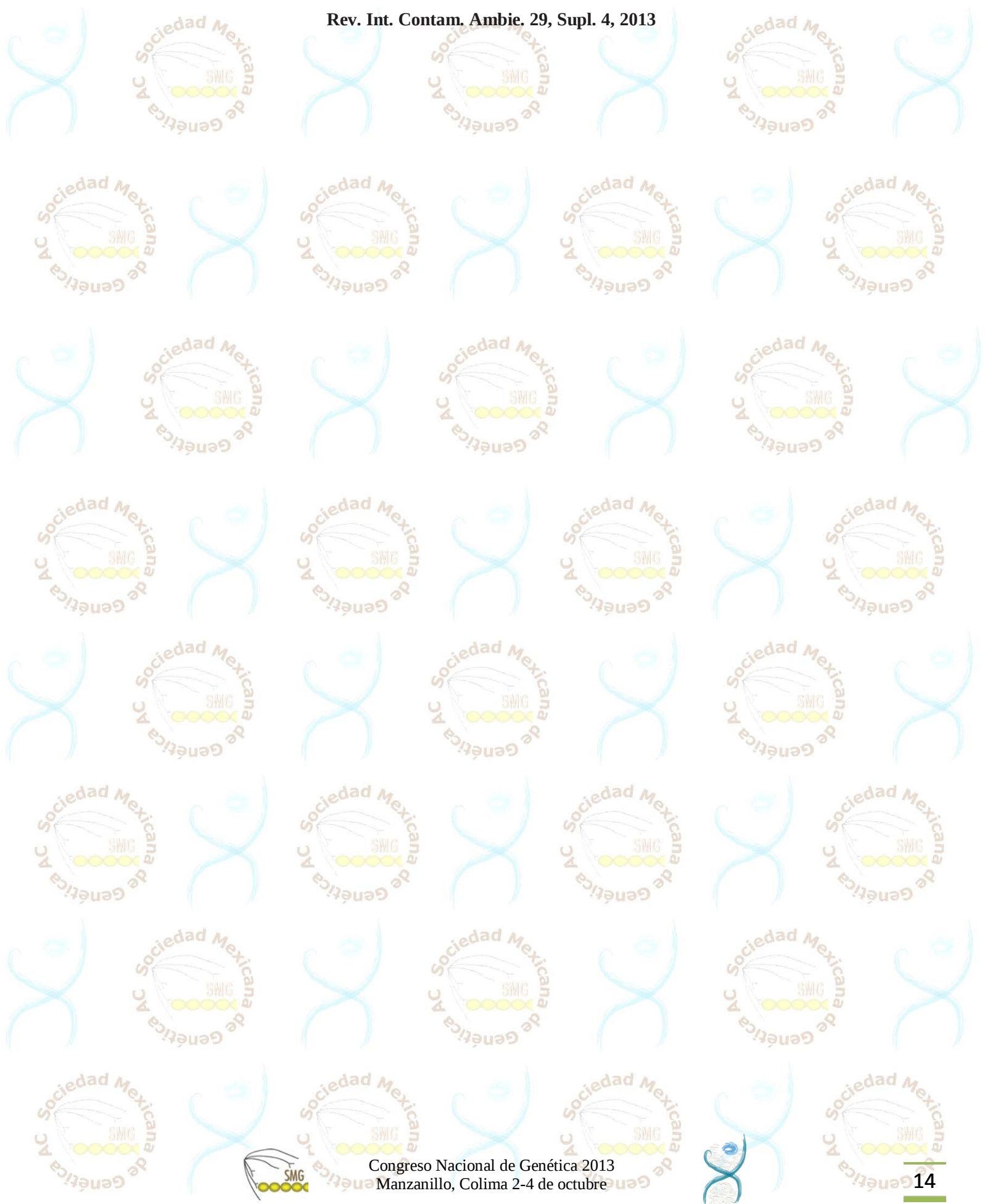
Universidad Veracruzana

DRA. REGINA GUADALUPE RODRÍGUEZ REYES

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares

M. EN C. GUILLERMO BOJÓRQUEZ RANGEL

Universidad Autónoma de Ciudad Juárez



A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

COMITÉS ORGANIZADORES

POR LA

SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA

M. EN C. JUANA SÁNCHEZ ALARCÓN

PRESIDENTA DEL COMITÉ ORGANIZADOR

DR. PEDRO RAFAEL VALENCIA QUINTANA

L.C.A. ANA PATRICIA PÉREZ LARA

L.C.A. TERESA RAMÍREZ VÁZQUEZ

DRA. JULIETA CASTILLO CADENA

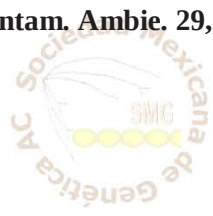
DRA. MARÍA DEL SOCORRO FERNÁNDEZ

DRA. BEATRIZ PALMEROS SÁNCHEZ

DR. JORGE EDUARDO CAMPOS CONTRERAS

DRA. AMÉRICA NIXTIN CASTAÑEDA SORTIBRÁN

M. EN C. GUILLERMO BOJÓRQUEZ RANGEL



A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

COMITÉS ORGANIZADORES

POR EL
INIFAP, CAMPO EXPERIMENTAL TECOMÁN

M. EN C. ISAAC VIZCAÍNO VARGAS

PRESIDENTE DEL COMITÉ ORGANIZADOR LOCAL

M. EN C. MANUEL DE JESÚS BERMÚDEZ GUZMÁN

M. EN C. ALEJANDRO YÁÑEZ MUÑOZ

DR. GUILLERMO MARTÍNEZ VELÁZQUEZ

DR. MARIO OROZCO SANTOS

DR. MARCIANO MANUEL ROBLES GONZÁLEZ



Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

COMITÉS ORGANIZADORES

**POR LA
UNIVERSIDAD DE COLIMA**

DR. SALVADOR GUZMÁN GONZÁLEZ
PRESIDENTE DEL COMITÉ ORGANIZADOR LOCAL

DR. GILBERTO MANZO SÁNCHEZ

DR. MARCO TULIO BUENROSTRO NAVA

DR. JOSÉ GERARDO LÓPEZ AGUIRRE



Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

AGRADECIMIENTOS

LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA AGRADECE EL APOYO OTORGADO
POR



Instituto Nacional de Investigaciones
Forestales, Agrícolas y Pecuarias



Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

AGRADECIMIENTOS

LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA AGRADECE EL APOYO OTORGADO
POR

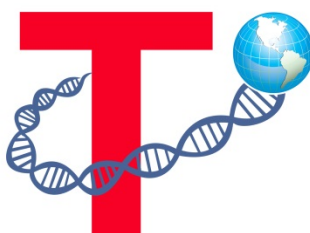


Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA AGRADECE EL APOYO OTORGADO
LOS

PATROCINADORES



THE SOURCE CLP
OPTIMIZANDO LA CIENCIA
Y LA INVESTIGACION



BioAdvanced Systems
S.A. de C.V.

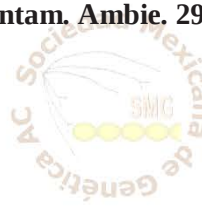




Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Programa General



A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Curso Pre-congreso

Detección de fitopatógenos mediante RT-PCR y PCR tiempo real

M. en C. Manuel de Jesús Bermúdez Guzmán

Ing. María Inés Barbosa Villa

Dr. Salvador Guzmán González

Dr. Mario Orozco Santos

Dr. Marco Tulio Buenrostro Nava

Ing. Pedro Valadez Ramírez

Lic. en Biol. Rafael Ríos Velazco

México

30 de septiembre y 1 de octubre

**INIFAP, Campo Experimental Tecomán
Universidad de Colima**

Tecomán, Colima

Detección de fitopatógenos mediante RT-PCR y PCR tiempo real

Lunes 30 septiembre
Tecomán, Colima

Martes 1 octubre
Tecomán, Colima

08:30 09:00

Registro de participantes

Teoría

09:00 10:00

09:00 09:30

Palabras de Bienvenida

**Reacción en cadena de la
polimerasa (PCR) y
electroforesis**

Dr. Salvador Guzmán González

M. en C. Manuel de Jesús
Bermúdez Guzmán

Universidad de Colima

INIFAP

09:30 10:00

Teoría

Práctica*

10:00 14:30

**Cultivos de importancia
económica en el estado de
Colima y sus fitopatógenos**

Dr. Mario Orozco Santos

INIFAP

PCR y electroforesis

Ing. María Inés Barbosa Villa

INIFAP

10:00 11:30

Práctica

Teoría

11:00 12:00

**Recolección de muestras de
material vegetativo**

Ing. María Inés Barbosa Villa

Ing. Pedro Valadez Ramírez

INIFAP-Universidad de Colima

PCR en tiempo real

Dr. Marco Tulio Buenrostro
Nava

Universidad de Colima

Práctica

12:00 14:30

**PCR en tiempo real: detección
de HLB y Sigatoka negra**

Ing. Pedro Valadez Ramírez

Lic. Biol. Rafael Ríos Velazco

Detección de fitopatógenos mediante RT-PCR y PCR tiempo real

Lunes 30 septiembre

Tecomán, Colima

11:30 12:00

Teoría

Principios de extracción de ácidos nucleicos

M. en C. Manuel de Jesús Bermúdez Guzmán

INIFAP

12:00 15:30

Práctica

Extracción de ácidos nucleicos: CTAB y TRIZOL

Ing. María Inés Barbosa Villa

INIFAP

15:30 17:00

Comida

17:00 18:30

Práctica

Obtención de cDNA-reacción de retrotranscripción (RT): detección de PRSV

Ing. María Inés Barbosa Villa

INIFAP

Martes 1 octubre

Tecomán, Colima

Comida

14:30 16:00

Análisis de resultados

Dr. Salvador Guzmán González

16:00 16:30

Clausura

Dr. Salvador Guzmán González
Universidad de Colima

16:30 16:45

* Se aprovecharán los tiempos muertos de la PCR y electroforesis para continuar con PCR en tiempo real

Se harán los ajustes necesarios durante el desarrollo del curso según los imprevistos



Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Simposio Pre-congreso

Genética en Bovinos Carne

Dr. Guillermo Martínez Velázquez

Dr. Moisés Montaña Bermúdez

Dr. Ángel Ríos Utrera

Dr. Vicente E. Vega Murillo

México

1 de octubre

INIFAP

CENID-Fisiología

CIRGOC

Tecomán, Colima

Simposio de Genética en Bovinos Carne

Martes 1 octubre
Tecomán, Colima

09:00 09:45

Registro de participantes

Organizadores

09:45 10:00

Palabras de Bienvenida

Dr. Salvador Fernández Rivera

Coordinador de Investigación
Innovación y Vinculación
INIFAP

10:00 10:45

La genética y su contribución al negocio ganadero

Dr. Guillermo Martínez Velázquez

Investigador CE
Santiago Ixcuintla
INIFAP-CIRPAC

10:45 11:30

Importancia de los cruzamientos en la producción de becerros para engorda

Dr. Moisés Montaña Bermúdez

Investigador CENID-Fisiología
INIFAP

11:30 11:45

Receso

11:45 12:30

Uso de las evaluaciones genéticas en ranchos comerciales y de pie de cría

Dr. Ángel Ríos Utrera

Investigador CE

La Posta
INIFAP-CIRGOC

12:30 13:15

La selección genómica de bovinos

Dr. Vicente E. Vega Murillo

Investigador CE
La Posta

13:15 13:45

Mesa de Preguntas

INIFAP-CIRGOC

13:45 14:00

Clausura

Todos los ponentes

14:00 15:00

Convivio

Organizadores

Asistentes

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Congreso

Manzanillo, Colima

México

2-4 de octubre

Hotel Tesoro Manzanillo



Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Miércoles 2

08:00 09:00

Registro

09:00 10:00

Inauguración

10:00 10:30

Receso

10:30 11:30

Conferencia Magistral

TEST DE MICRONÚCLEOS COMO BIOMARCADOR DE SALUD Y SU IMPLICACIÓN EN EL CÁNCER

Dr. José Miguel García Sagredo

España

Moderador

Dr. Mario Altamirano Lozano

Trabajos libres, Sesión 1

Trabajos libres, Sesión 2

Salón Gran Diamante

Perla III

11:30 11:50

CNG2013 086

CNG2013 032

11:50 12:10

CNG2013 002

CNG2013 080

12:10 12:30

CNG2013 093

CNG2013 016

12:30 12:50

Receso

Trabajos libres, Sesión 3

Trabajos libres, Sesión 4

Salón Gran Diamante

Perla III

12:50 13:10

CNG2013 079

CNG2013 062

13:10 13:30

CNG2013 074

CNG2013 063

13:30 13:50

CNG2013 064

CNG2013 029

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Miércoles 2

13:50 16:00

Comida

16:00 18:00

CARTELES. SALÓN GRAN DIAMANTE
Sesión I

18:00 18:30

Receso

18:30 20:00

Programa cultural

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Jueves 3

08:00 09:00

Registro

09:00 10:00

Conferencia Magistral

USO Y APLICACIÓN DE LA SECUENCIACIÓN MASIVA PARA EL ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD MICROBIANA ASOCIADA A RIZÓSFERA DE MAÍZ MEXICANO

Dr. Ramón I. Arteaga Garibay

México

Moderador: Dr. Marciano Manuel Robles González

Trabajos libres, Sesión 5

Gran Diamante

Trabajos libres, Sesión 6

Perla III

10:00 10:20

CNG2013 085

CNG2013 051

10:20 10:40

CNG2013 094

CNG2013 048

10:40 11:00

CNG2013 056

CNG2013 040

11:00 11:20

CNG2013 053

CNG2013 025

11:20 11:40

Receso

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Jueves 3

Trabajos libres, Sesión 7

Gran Diamante

11:40 12:00

CNG2013 088

12:00 12:20

CNG2013 057

12:20 12:40

CNG2013 030

12:40 13:00

CNG2013 010

13:00 14:00

Trabajos libres, Sesión 8

Perla III

CNG2013 036

CNG2013 011

CNG2013 042

CNG2013 065

HOMENAJE AL

DR. RAFAEL VILLALOBOS PIETRINI

CONMEMORACIÓN 30 AÑOS

DE REACTIVACIÓN SMG

Moderadoras

Dra. Sandra Gómez Arroyo

Dra. Judith Guzmán Rincón

14:00 16:00

Comida

16:00 18:00

CARTELES. SALÓN GRAN DIAMANTE

Sesión 2

18:00 19:00

Toma de foto

20:00 00:00

Cena Baile

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Viernes 4

08:00 09:00
09:00 10:45

Registro

Reunión Plenaria

Sociedad Mexicana de Genética

Presentación solicitudes nuevos socios

Elección nueva Mesa Directiva

Informe de actividades

10:45 11:00

Receso

Trabajos libres, sesión 9

Gran Diamante

11:00 11:20

CNG2013 097

11:20 11:40

CNG2013 001

11:40 12:00

CNG2013 039

12:00 12:20

CNG2013 087

12:20 12:40

CNG2013 096

12:40 13:00

Receso

Trabajos libres, sesión 10

Perla III

CNG2013 066

CNG2013 045

CNG2013 098

CNG2013 076

CNG2013 089

CNG2013 082

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Viernes 4

13:00 14:00

Conferencia Magistral

IDENTIFICACIÓN FILOGENÉTICA DE NUEVAS BACTERIAS FITOPATÓGENAS EN MAÍZ

Dra. Hilda Victoria Silva Rojas

México

Moderador

Dr. Mario Orozco Santos

14:00

Clausura

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Miércoles 2

Trabajos libres, Sesión 1 Salón Gran Diamante

Clave	Autores	Título	Horario	Página
CNG2013 086	Márquez C.	EL USO DEL CONCEPTO DE ÉSTASIS EN CITOGENÉTICA COMPARADA	11:30 - 11:50	83
CNG2013 002	Hernández-Guzmán J, Arias-Rodriguez L y Indy JR	ESTUDIO CITOGENÉTICO EN TORTUGAS DULCEACUÍCOLAS DE TABASCO	11:50 - 12:10	84
CNG2013 093	Brena-Becerril A, Vizcaíno Rodriguez LA, Vinuesa FP y Valderrama Blanco MB	PARALOGÍA EN OXIDASAS DEPENDIENTES DE COBRE EN BACTERIAS	12:10 - 12:30	85

Trabajos libres, Sesión 2 Salón Perla III

Clave	Autores	Título	Horario	Página
CNG2013 032	Hernández-Zamora E, Zavala-Hernández C, León-Hernández SR, Rosales-Cruz E y Reyes-Maldonado E	MARCADORES BIOLÓGICOS Y FACTORES DE RIESGO DE TROMBOFILIA, EN PACIENTES ADULTOS MAYORES Y DONADORES SANOS MAYORES ≥ 50 AÑOS	11:30 - 11:50	89
CNG2013 080	Galindo Reyes JG	DAÑOS GENÉTICOS Y ENDÓCRINOS EN OSTIONES (<i>Crassostrea corteziensis</i>) CAUSADOS POR HIDROCARBUROS AROMÁTICOS POLICÍCLICOS Y SUS RIESGOS A LA SALUD	11:50 - 12:10	90
CNG2013 016	Rosas-Cipriano A, Flores-Maya S, Barrera-Escorcia H, Gómez-Arroyo S y Ruíz Cabrera A	EVALUACIÓN DE LA CITOTENOTÓXICIDAD DE UNA CERVEZA ELABORADA INDUSTRIALMENTE Y OTRA ARTESANAL USANDO LA PRUEBA DE MICRONÚCLEOS EN <i>Vicia faba</i>	12:10 - 12:30	91

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Miércoles 2

Trabajos libres, Sesión 3 Salón Gran Diamante

Clave	Autores	Titulo	Horario	Página
CNG2013 079	Rosales Reynoso MA, Juárez Vázquez CI, Flores Martínez S y Sánchez Corona J	ANÁLISIS DE ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO +148 C>T DEL GEN AXIN2 Y +294 T>C DEL GEN PPARD EN PACIENTES MEXICANOS CON CÁNCER COLORRECTAL	12:50 -13:10	95
CNG2013 074	Brito Suastegui A, Rodríguez Sánchez C, Santamaría RI, Bustos Arcos P y González Zúñiga VM	PARTICIPACIÓN DE LOS LPS DE <i>Rhizobium etli</i> CFN42 EN EL PROCESO DE INFECCIÓN DE LOS BACTERIOFAGOS 1, 10 Y 11	13:10 - 13:30	96
CNG2013 064	Salceda VM y Arceo-Maldonado C	ALGUNOS COMPONENTES DE VALOR ADAPTATIVO EN POBLACIONES NATURALES DE <i>Drosophila pseudoobscura</i> ORIGINARIAS DE MÉXICO	13:30 - 13:50	97

Trabajos libres, Sesión 4 Salón Perla III

Clave	Autores	Titulo	Horario	Página
CNG2013 062	Michel-López CY, Mercado-Ruaro P, Peña-Beltrán E y Michel-Rosales A	CARACTERIZACIÓN CITOGENÉTICA DE PLANTAS DE PITAHAYA (<i>Hylocereus</i> ssp.) NATIVAS DEL ESTADO DE COLIMA	12:50 - 13:10	101
CNG2013 063	Ángeles-Espino A, Valencia-Botín AJ, Virgen-Calleros G, Ramírez-Serrano C, Paredes-Gutiérrez L y Hurtado-De la Peña S	OBTENCIÓN DE EMBRIONES SOMÁTICOS A PARTIR DEVITRO PLÁNTULAS DE <i>Agave tequilana</i> WEBERVAR. AZUL IRRADIADAS CON Co60	13:10 - 13:30	102
CNG2013 029	Briseño-Gómez CA, Alcántar-Zavala LA, Martínez-Campos H, Casillas-Pilgram JA, Ruiz-Paloalto ML y Roldán-Reyes E	MICRONÚCLEOS Y DAÑO NUCLEAR EN LINFOCITOS DE ENFERMERAS EXPUESTAS A CITOSTÁTICOS	13:30 - 13:50	103

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Miércoles 2

Carteles, Sesión 1 Foyer Gran Diamante

Clave

Autores

Título

Página

CNG2013 003	Hernández-Guzmán J y Arias-Rodriguez L	ESTUDIO CARIOTÍPICO EN ANFIBIOS Y SU RELACIÓN CON AMBIENTES CONTAMINADOS DE TABASCO	107
CNG2013 005	Barba León J, Rodriguez Zapata AL, Ávila Rosales AA, Medina Lerena MS, Camacho Márquez MA, Rodríguez Guzmán A, González Aguilar DG, Perez Montaña JA y Cabrera Díaz E	CARACTERIZACIÓN MOLECULAR POR PFGE DE CEPAS de <i>Salmonella typhimurium</i> AISLADAS DE CANALES Y CARNE MOLIDA DE BOVINO PROVENIENTES DEL ESTADO DE JALISCO	108
CNG2013 007	Martínez-Ramírez OC, Pérez-Morales R, Gonsebatt ME y Rubio J	PARTICIPACIÓN DE LA ENZIMA MGMT EN LA FORMACIÓN DE ADUCTOS EN DNA DE FUMADORES POR COMPUESTOS PRESENTES EN EL TABACO Y EN LOS CONTAMINANTES AÉREOS DE LA CIUDAD DE MÉXICO	109
CNG2013 009	Alarcón-Angeles G, Chávez-Sandoval BE, Franco-Montoya AI, Guevara-Castro AL, Castañea-Briones MT, García-Franco F y Gómez M	DISEÑO DE SONDAS DEL GEN BRCA1 Y BRCA2, PARA LA CONSTRUCCIÓN DE UN GENOSENSOR PARA SER APLICADO EN LA DETECCIÓN DE CÁNCER DE MAMA	110
CNG2013 013	Contreras JA, Campos JE, Morales GM, Monsalvo RA, Canales MM y Martínez GM	USO DE ESPACIADORES TRANSCRITOS INTERNOS DEL ARNr EN LA CARACTERIZACIÓN DE MACROMICETOS DEL MUNICIPIO DE VILLA DEL CARBÓN, MÉXICO	111
CNG2013 017	Navarrete-Meneses MP, Betancourt-Rule M, Bonilla E, Altamirano M, Reyes A, Salas C y Pérez Vera SP	LA EXPOSICIÓN A PERMETRINA Y MALATIÓN INDUCE ALTERACIONES EN EL GEN <i>MLL</i> , ASOCIADO A LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA	112
CNG2013 019	Maldonado-Puga S, Sánchez-Alonso P, Negrete-Abascal E y Vázquez-Cruz C	ELABORACIÓN DE UN CARTUCHO PARA LA INTERRUPCIÓN DEL GEN <i>fur</i> DE <i>Gallibacterium anatis</i>	113
		12656-12	

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Miércoles 2

Carteles, Sesión 1 Foyer Gran Diamante

Clave

Autores

Título

Página

CNG2013 021	Ruiz Sánchez E, Alonso Vilatela E, Rodríguez Violante M, Yescas Gómez P, Cervantes Arriega A, Montes P, Díaz López J y Rojas Castañeda P	POLIMORFISMO RS35204829 DEL GEN NR4A2 EN POBLACIÓN MEXICANA CON ENFERMEDAD DE PARKINSON	114
CNG2013 023	Meza-Meneses Y, Galindo-Flores G, Quiroz A, Martínez y Pérez JL, Estrada-Torres A, Alarcón A y Montiel-González AM	GENERACIÓN DE UN MARCADOR MOLECULAR TIPO PCR-RFLP PARA HONGOS ECTOMICORRIZÓGENOS <i>Suillus brevipes</i> E <i>Inocybe dulcamara</i>	115
CNG2013 027	Guzmán-Ortiz AL, Del Prado ML, Dávalos KV, Aguilar MA y Piña C	EVALUACIÓN <i>IN VITRO</i> DE LA BIOCOMPATIBILIDAD DE COLÁGENO TIPO 1 LÍQUIDO PROVENIENTE DE TENDÓN DE BOVINO EN LA LÍNEA CELULAR L929	116
CNG2013 031	Martínez J y Palomino G	ESTUDIO CROMOSÓMICO Y CONTENIDO DE ADN EN <i>Agave angustifolia</i> Y SUS VARIEDADES CIMARRÓN Y LINEÑO DE JALISCO	117
CNG2013 033	Alvarez-Valenzuela R	LA EPIGENÉTICA DESDE LA PERSPECTIVA EVOLUTIVA Y LA RAZÓN A LAMARCK	118
CNG2013 035	Méndez-Leyva AB, Medina G, Sánchez-Quñones AL y Stephano-Hornedo JL	EXPRESIÓN TRANSITORIA DE HEMAGLUTININA DEL VIRUS DE INFLUENZA A/H ₁ N ₁ EN <i>Dunaliella salina</i>	119
CNG2013 037	Marrero-Rodríguez D, Taniguchi-Ponciano K, Romero-Morelos P, Mendoza-Rodríguez M, Paniagua-García L, Gómez-Gutiérrez G, Serna-Reyna L H, Ortiz-León J, Meraz-Ríos M, Mantilla-Morales A, Jiménez-Vega F y Salcedo-Vargas M	EXPRESIÓN DE PROTEÍNAS INMUNOMODULADORAS COMO LOS FACTORES TIPO KRUPPEL 5, 6, 9 Y 10 Y GLICOPROTEÍNAS ESPECÍFICAS DEL EMBARAZO EN TEJIDOS DE CÁNCER CERVICAL	120

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Miércoles 2

Carteles, Sesión 1 Foyer Gran Diamante

Clave

Autores

Título

Página

CNG2013 041	Romero-Núñez C y Bautista-Gómez L G	IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE <i>Toxocara spp.</i> EN SUELOS COMO FACTOR DE RIESGO PARA TOXOCARIOSIS HUMANA. (PRELIMINAR)	121
CNG2013 043	Atonal-Yáñez J, Galindo-Pérez EJ, Chávez-Sandoval BE, Castañeda-Briones MT, Martínez-García M, Campos-Contreras JE, Monsalvo-Reyes AC y García-Franco F	CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE MICROORGANISMOS PRESENTES EN EL PROCESO DE OBTENCIÓN DE BIOETANOL DE RESIDUOS ORGÁNICOS DE FRUTA	122
CNG2013 047	Cortés Barberena E, Palacios Sánchez N y Ortiz Muñiz R	ALTERACIONES EN LA PROLIFERACIÓN DE CÉLULAS MESENQUIMALES DE RATAS DESNUTRIDAS	123
CNG2013 049	Moreno-Ramírez Y del R, López-Sánchez H, López P A, Santacruz-Varela A, González-Hernández V A y Córdova-Téllez L	POTENCIAL DE RENDIMIENTO DE VARIEDADES NATIVAS DE CHILE GUAJILLO DE ZACATECAS, MÉXICO	124
CNG2013 055	Celis Porras J y Loera Castañeda V	MODELO NEURONAL PARA EL DIAGNÓSTICO DE NEFROPATÍA DIABÉTICA BASADO EN INFORMACIÓN PROTEÓMICA EN ORINA	125
CNG2013 059	Cruz-Atanasio WI, Arellano-Llamas MR, Dueñas-García IE, Santos-Cruz LF, Castañeda-Partida L, Durán-Díaz A y Heres-Pulido ME	MODULACIÓN DE LA VITAMINA C Y EL FeSO_4 SOBRE LA ACTIVIDAD GENOTÓXICA DEL URETANO EN SMART EN ALA DE <i>Drosophila melanogaster</i> (CRUZAS E Y BE)	126
CNG2013 061	Olvera-Romero Z, Heres-Pulido ME, Hernández-Luis F, Mendoza-Martínez C, Dueñas-García IE, Durán-Díaz A y Santos-Cruz LF	EVALUACIÓN TÓXICA Y GENOTÓXICA DEL PARASITICIDA GHPMF EN SMART EN ALA DE <i>Drosophila melanogaster</i> (CRUZA E)	127

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Miércoles 2

Carteles, Sesión 1 Foyer Gran Diamante

Clave

Autores

Título

Página

CNG2013 067	Aguilar-Chaparro MA, Borrego-López MF, Gracia-Duran SY y Ruiz-Bustos E	GENOTIPIFICACIÓN DE AISLADOS CLÍNICOS DE <i>Helicobacter pylori</i> OBTENIDOS DE PACIENTES DEL HOSPITAL GENERAL DEL ESTADO DE SONORA	128
CNG2013 071	Guzmán-González S, Manzo-Sánchez G, Ríos-Velasco R, Valadez-Ramírez P, Buenrostro-Nava MT, Orozco-Santos M y Canto-Canche BB	CUANTIFICACIÓN DE LA BIOMASA DE <i>Mycosphaerella fijiensis</i> (ASCOMYCETAE) EN RESIDUOS DE HOJAS DE PLÁTANO TRATADAS CON UREA	129
CNG2013 073	Martínez Reculez LS, Torres-Espíndola LM, Velazquez-Cruz R, Hernández-A, Tena-Suck ML, Granados-Montiel J, Granados-Arriola J, Salazar-Lezama MA, Salinas-Lara C, Juárez-Millán MA, Pérez-Padilla R y Castillejos-López MJ	EFFECTO DEL CONSUMO DE TABACO EN LA ASOCIACIÓN ENTRE POLIMORFISMOS EN EL GEN TLR Y TLR Y SUSCEPTIBILIDAD A TUBERCULOSIS PULMONAR	130
CNG2013 075	Hernández-De la Cruz H, Rodríguez-Mercado JJ y Altamirano-Lozano MA	ESTIMACIÓN DEL DAÑO AL ADN EN CÉLULAS TESTICULARES DEL RATÓN CD-1, TRATADO CON ACETATO DE TALIO	131
CNG2013 077	Garza Cruz MA, Morán Moguel MC, Salazar Páramo M, Topete Reyes JF, Rodríguez Machuca EY, Enríquez Barajas CM, Avelar Ocampo FA, Carlos Buenrostro D, Cerda Salas CR y Valdovinos Maravilla JP	ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO INSERCIÓN/DELECIÓN DE LA ENZIMA CONVERTIDORA DE ANGIOTENSINA EN PACIENTES CON ESPONDILITIS ANQUILOSANTE	132
CNG2013 081	Gómez-Arroyo S, Cortés-Eslava J, Puente Revelo AC, Carlos Palestina A y Villalobos-Pietrini R	ANTIGENOTOXICIDAD DE LA CÚRCUMA FRENTE AL INSECTICIDA AZINFOS METÁLICO EN <i>Vicia faba</i>	133
CNG2013 083	Arredondo Valdez AR, Juárez Vázquez CI, Flores Martínez S, Sánchez Corona J y Rosales Reynoso MA	ASOCIACIÓN DE POLIMORFISMOS EN LOS GENES <i>TCF7L2</i> Y <i>CCND1</i> EN PACIENTES MEXICANOS CON CÁNCER COLORRECTAL	134

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Miércoles 2

Carteles, Sesión 1 Foyer Gran Diamante

Clave

Autores

Título

Página

CNG2013 091	Escalera-Ordaz AK, Ramírez-Arnaud MB, Bucio Sánchez LL, Lara-Chávez MBN, Torres-Gurrola G y Guillén-Andrade H Saint-Pierre C, Bonnett D, Burgueño J, Castillo González F, Cibrián- Jaramillo A, Cortes-Cruz M, Cortez-Gamboa S, Christen-Gracia JA, Espinoza-Banda A, Espinosa-Paz N, Estrada-Campuzano G, Figueroa-López P, Fuentes-Dávila G, Gómez-Montiel NO, Gonzalez-Ceniceros F, Guerrero Herrera MJ, Hearne S, Hernández Casillas JM, Hernández-Muela VM, Herrera Estrella L, Ireta-Moreno J, Larios L, Mahuku G, Manjarrez-Juárez FJ, Martínez CA, Martínez-Rueda	VARIACIÓN Y DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE FENOTIPOS QUÍMICOS FOLIARES DE <i>Persea americana</i> MILL VAR. <i>Dryminifolia</i>	135
CNG2013 095	CG, Ortega y Corona A, Ortiz-Monasterio I, Osorio-Alcalá L, Palacios N, Payne T, Peña-Bautista RJ, Preciado-Ortiz RE, Ramírez-Díaz JL, Reynolds M, Rivas-Dávila ME, Ron Parra J, Ruíz Corral JA, Salinas-García GE, Sánchez González J, Sawers R, Serna-Saldivar SO; Shrestha R, Singh P, Singh S, Solís-Moya E, Torres-Montalvo H, Trachsel S, Vallejo Delgado HL, Velázquez-Cardelas GA, Vidal-Martínez VA, Vikram P, Villaseñor-Mir HE, Willcox M, Zamora-Villa V y Wenzl P	MASAGRO-BIODIVERSIDAD (SEED): AMPLIANDO EL USO DE RECURSOS GENÉTICOS EN EL MEJORAMIENTO DE MAÍZ Y TRIGO	136

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Miércoles 2

Carteles, Sesión 1 Foyer Gran Diamante

Clave

Autores

Título

Página

TIPIFICACIÓN DE LOS			
POLIMORFISMOS <i>ApaI</i> Y <i>TaqI</i> DEL			
GEN VDR (RECEPTOR DE VITAMINA			
D) EN PACIENTES CON DIABETES			
MELLITUS TIPO 2 Y CONTROLES			
SANOS DEL ESTADO DE JALISCO			
CNG2013 099	Solano-Trujillo AG, Rivera-León EA, Fernández MS, Sánchez- Enríquez S, Palmeros-Sánchez B		138
CNG2013 107	Martínez-Valenzuela C, Vázquez Ramírez R, Gómez-Arroyo S, Villalobos-Pietrini R, Waliszewski S, Kumate Rodríguez J, Calderón-Segura ME, Félix-Gastélum R, Romero- Urías C, Ortega-Martínez D y Lagarda-Escarrega A	EVALUACIÓN GENOTÓXICA DE NIÑOS HABITANTES DE ZONAS AGRÍCOLAS DEL NORTE DE SINALOA, A TRAVÉS DE LA CUANTIFICACIÓN DEL ADUCTO 8- HIDROXI-2'-DESOXIGUANOSINA (8- OH-DG) MEDIANTE ELISA	139

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Jueves 3

Trabajos libres, Sesión 5 Salón Gran Diamante

Clave	Autores	Titulo	Horario	Página
CNG2013 085	Cortés-Eslava J, Gómez-Arroyo S, Teloxa Meneses HS, Gómez Ramírez BM y Villalobos-Pietrini R	EFFECTO DEL INSECTICIDA GUSATIÓN EN <i>Salmonella</i> <i>typhimurium</i> CEPAS TA98 Y TA100 TRANSFORMADO POR EL METABOLISMO VEGETAL Y ANIMAL	10:00 - 10:20	143
CNG2013 094	Saint-Pierre C, Bonnett D, Burgueño J, Cortez-Gamboa S, Espinosa-Paz N, Estrada- Campuzano G, Figueroa-López P, Fuentes-Dávila G, Hernández- Muela VM, Ireta-Moreno J, Martínez-Rueda CG, Ortiz- Monasterio I, Osorio-Alcalá L, Payne T, Peña-Bautista RJ, Reynolds M, Salinas-García GE, Sawers R, Singh P, Singh S, Soca G, Solís-Moya E, Vikram P, Villaseñor-Mir HE, Zamora-Villa V y Wenzl P	CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA Y FENOTÍPICA DE TRIGOS DENTRO DE LA INICIATIVA MASAGRO- BIODIVERSIDAD (SEED)	10:20 - 10:40	144
CNG2013 056	Macías-Carballo M, García- Román R, Montero-Ladrón de Guevara H, Palmeros-Sánchez B, Villa-Treviño S, Pérez-Carreón JI y Landero-López L	EL CARCINOMA HEPATOCELULAR Y SU ASOCIACIÓN CON EL VIRUS DE LA HEPATITIS B EN PACIENTES DEL ESTADO DE VERACRUZ EXPRESIÓN DE LOS GENES DE LA RUTA DE BIOSÍNTESIS DE OLIGOFUCTANOS EN <i>Agave spp.</i> MEDIADA POR ESTÍMULOS BIÓTICOS Y ABIÓTICOS	10:40 - 11:00	145
CNG2013 053	Suárez-González EM, López MG, Délano-Frier JP y Gómez-Leyva JF		11:00 - 11:20	146

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Jueves 3

Trabajos libres, Sesión 6 Salón Perla III

Clave	Autores	Titulo	Horario	Página
CNG2013 051	Michel-López CY, González-Mendoza D, Grimaldo-Juarez O, Cecaña-Duran C y Cervantes Díaz L	EFFECTO CITOGÉNICO Y TOXICOLÓGICO DEL COBRE (Cu ²⁺) EN CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE LA RAÍZ DE <i>Prosopis juliflora</i> (SW)	10:00 - 10:20	149
CNG2013 048	López PA, Gil-Muñoz A, López-Sánchez H, Guerrero-Rodríguez J de D, Ortiz-Torres E, Taboada-Gaytán OR y Hernández-Guzmán JA	SELECCIÓN DE LÍNEAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ DE ORIGEN TROPICAL PARA EL ALTIPLANO POBLANO	10:20 - 10:40	150
CNG2013 040	Bautista-Gómez LG, Martínez-Castañeda JS, Romero-Núñez C y Aguilera-Reyes U	ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DEL PECARÍ DE COLLAR (<i>Pecari tajacu</i>), UTILIZANDO MICROSATÉLITES DE CERDO DOMÉSTICO (<i>Sus scrofa</i>)	10:40 - 11:00	151
CNG2013 025	Puga-Espinoza E, Gómez-Leyva JF, López-Muraira IG y Leal-Robles AI	DIVERSIDAD GENÉTICA MEDIANTE MARCADORES ISSR PARA EL AGAVE MEZCALERO (<i>Agave americana</i> CV CHATO) DE LA REGIÓN CIENEGA DEL ESTADO DE MICHOACÁN	11:00 - 11:20	152

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Jueves 3

Trabajos libres, Sesión 7 Salón Gran Diamante

Clave	Autores	Titulo	Horario	Página
CNG2013 088	Jiménez-Vega F, Herrera-Gutiérrez JR y Vargas-Requena CL	TRANSCRITOS CODIFICANTES PARA PROTEÍNAS TRANSPORTADORAS DE METALES EN <i>Solanum elaeagnifolium</i>	11:40 - 12: 00	155
CNG2013 057	Altamirano-Lozano MA, Montaño- Rodríguez AR, García-Cárdenas GP, Peralta-García P y García-Rodríguez MC	ESTUDIO DE LAS FRECUENCIAS DE MICRÓNÚCLEOS EN SANGRE PERIFÉRICA DE RATÓN CD-1 TRATADOS CON TRIÓXIDO DE CROMO, SULFATO DE TALIO Y PENTÓXIDO DE VANADIO <i>IN VIVO</i>	12:00 - 12:20	156
CNG2013 030	Palomino G y Martínez J	CITOTIPOS EN <i>Agave parviflora</i> TORR. <i>ssp. flexiflora</i> (AGAVACEAE)	12:20 -12:40	157
CNG2013 010	Villegas Sánchez CA, Pérez España H, Rivera Madrid R, Salas Monreal D y Arias González JE	CONECTIVIDAD GENÉTICA ENTRE ARRECIFES CORALINOS DEL ATLÁNTICO MEXICANO: EL CASO DE LA DAMISELA BICOLOR, <i>Stegastes partitus</i>	12:40 -13:00	158

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Jueves 3

Trabajos libres, Sesión 8 Salón Perla III

Clave	Autores	Titulo	Horario	Página
CNG2013 036	Hernández-Calderón MLI, Cruz-Vargas L, Aguilar-Ramos KL, Hernández-Ceruelos M del CA, Ángeles- Anguiano ER, García- Tovar CG, Villa-Treviño S y Díaz Barriga-Arceo S	EVALUACIÓN DEL EFECTO ANTIGENOTÓXICO DE 3 COMPUESTOS ANÁLOGOS DEL ÉSTER FENÉTILICO DEL ÁCIDO CAFEÍCO (CAPE), MEDIANTE EL ENSAYO DE ELECTROFORESIS UNICELULAR EN GEL CALIDAD ESPERMÁTICA, DAÑO AL ADN Y SU ASOCIACIÓN CON LOS POLIMORFISMOS DE GST EN FLORICULTORES DE VILLA GUERRERO, MÉXICO	11:40 - 12:00	161
CNG2013 011	Martínez-Luna G, Castillo-Cadena J, Serment-Guerrero JH y Valencia-Quintana R	DETERMINACIÓN MOLECULAR DE LOS MICROORGANISMOS AISLADOS DE MUESTRAS DE AIRE EN SITIOS ABIERTOS Y CERRADOS DE LA UAM AZCAPOTZALCO	12:00 - 12:20	162
CNG2013 042	García-Franco F, Klériga- Blanco JDI, Chávez- Sandoval BE, Castañeda- Briones MT, Falcón- Briceño MYI, Martínez- García M, Campos- Contreras JE y Monsalvo- Reyes AC y Galindo- Pérez EJ	ACTIVIDAD BIOLÓGICA DE LA FLORA DIETARIA CAPRINA EN <i>Artemia franciscana</i>	12:20 - 12:40	163
CNG2013 065	Lozada Garcia JA, Pérez Solano JJ, Carmona- Hernández O y Fernández MS		12:40 - 13:00	164

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Jueves 3

Carteles, Sesión 2 Foyer Gran Diamante

Clave	Autores	Titulo	Página
CNG2013 004	Salas-Pacheco JM, Vázquez-Alaníz F, Salvador-Moysén J y Aguilar-Durán M	GENOTIPOS COMBINADOS - 509CT/869TC DEL GEN $\text{tgf-}\beta 1$ EN PACIENTES CON PREECLAMPSIA	167
CNG2013 006	Pacheco Martínez MM, Cervantes Ríos E, García Rodríguez C y Ortiz Muñiz R	FRECUENCIA DE MICRONÚCLEOS EN RETICULOCITOS Y ERITROCITOS DE RATAS CON DESNUTRICIÓN MODERADA	168
CNG2013 008	Chávez-Sandoval BE, Castañeda-Briones MT, García-Franco F, Martínez-García M, Campos-Contreras JE, Alvarado-Vanegas S, Galindo-Pérez EJ y Rosas Osorio JC	IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE LOS MICROORGANISMOS <i>Aspergillus sp.</i> Y <i>Achlya sp.</i> PARA EL DISEÑO DE SONDAS ESPECÍFICAS EN GENOSENSORES	169
CNG2013 012	Taniguchi-Ponciano K, Marrero-Rodríguez D, Muñoz N, Arreola H, Romero-Morelos P, López-Sleman J, Huerta-Padilla V, Guzmán-Ortiz L, Paniagua L, Ortiz-León J, Serna-Reyna LH, Gómez-Gutiérrez G, López-Romero R y Salcedo M	EXPRESIÓN DEL GEN KISS1 A PARTIR DE ANÁLISIS <i>IN SILICO</i> Y EN TEJIDO DE CÁNCER CÉRVICOUTERINO	170
CNG2013 014	Pineda Vázquez D, González Oliver A, Pérez Martínez M, Garfías Morales E, De la Cruz Laina MI, Canul Montañez ME, Ortega Muñoz A y Torre Blanco A	ANÁLISIS DEL DNA MITOCONDRIAL EN POBLACIONES MAYAS DE LA PENÍNSULA DE YUCATÁN	171
CNG2013 018	Mejía CW, López TBP, Rodríguez EAK, Blancas FG y Alarcón AF	PRUEBAS DE CITOTOXICIDAD DEL EXTRACTO ACUOSO DE <i>Cucurbita ficifolia</i> BOUCHÉ EN CULTIVOS DE LINFOCITOS HUMANOS	172
CNG2013 020	Montes P, Rojas Castañeda P y Ruiz Sánchez E	ESTANDARIZACIÓN DE LA DISMINUCIÓN DEL FACTOR DE TRANSCRIPCIÓN NURR1 EN UN MODELO DE ESTRÉS PRENATAL	173

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Jueves 3

Carteles, Sesión 2 Foyer Gran Diamante

Clave	Autores	Titulo	Página
CNG2013 022	Jiménez-Vega ER, Pimentel-Peñaloza E, Cruces-Martínez MP y Suarez-Contreras H	MODULACIÓN DEL ESTRÉS OXIDANTE INDUCIDO POR LA CASIOPEÍNA® (CAS II-GLY) Y RADIACIÓN GAMMA MEDIADO POR TETRAPIRROLES EN <i>Drosophila melanogaster</i>	174
CNG2013 024	Mendizabal-Cortés E, Armas-Tizapantzi A, Ortega-Avila R, Acosta Tlapalamatl M, Montiel-González AM, Hernández-Cuevas LV, Estrada-Torres A, Salinas ELA y Ramos-Zapata JA	CAMBIOS EN EL NÚMERO MÍNIMO DE ESPECIES DE HMA POR EFECTO DE LA PERTURBACIÓN EN SUELOS DE DUNAS COSTERAS DE LA RESERVA DE LA BIÓSFERA "RÍA LAGARTOS", YUCATÁN, MÉXICO	175
CNG2013 026	Mena Montes B, Rosas Carrasco O, Maury Rosillo ME, Toral Ríos D, Franco Bocanegra D, Mena Barranco F, Meráz Ríos MA y Campos Peña V	POLIMORFISMOS EN GENES DEL PROCESAMIENTO DE APP Y SU ASOCIACIÓN CON LA ENFERMEDAD DE ALZHEIMER TIPO ESPORÁDICO	176
CNG2013 028	García-Hernández A, Martínez-García M, Garduño Solórzano G, Campos Contreras J, Monsalvo Reyes A y Quintanar Zúñiga RE	FICOFLOA DE ZAPOTITLÁN SALINAS, VALLE DE TEHUACÁN, PUEBLA	177
CNG2013 034	Gutiérrez Cisneros R, Meza Meneses M, Martínez y Pérez JL, González Astorga J y Montiel González AM	VARIACIÓN GENÉTICA DE <i>Asclepias contrayerba</i> SESSÉ & MOC. (APOCYNACEAE: ASCLEPIADOIDEAE)	178
CNG2013 038	Aguilera-Urquidi I, Quintana-Bautista ME, De la Torre-Paredes KP, Espinoza-Villanueva J, Aley-Medina P, Campos JE, Monsalvo-Reyes A y Martínez-García M	ASLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS DEL GÉNERO <i>Halomonas</i> DE ZAPOTITLÁN SALINAS, PUEBLA MÉXICO	179
CNG2013 044	Mateos-Nava RA, Pérez-Gómora E, Rodríguez-Mercado JJ, Álvarez-Barrera L y Altamirano-Lozano MA	EFFECTO DEL TRIÓXIDO DE VANADIO SOBRE LA PROLIFERACIÓN CELULAR DE LEUCOCITOS HUMANOS	180

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Jueves 3

Carteles, Sesión 2 Foyer Gran Diamante

Clave	Autores	Titulo	Página
CNG2013 046	Flores Páez LA, Zenteno JC, Buentello Volante B, Cancino- Díaz ME y Cancino Díaz JC	GENOTIPIFICACIÓN DE <i>Staphylococcus epidermidis</i> AISLADOS DE INFECCIONES OCULARES, CONJUNTIVA SANA Y PIEL SANA POR EL MÉTODO DE SECUENCIAS MULTILOCUS	181
CNG2013 050	Vidal-Escobar LM, Pimentel- Peñaloza E y Cruces-Martínez MP	ACCIÓN INHIBIDORA DE LA PROTOPORFIRINA-IX DEL DAÑO GENÉTICO INDUCIDO POR LA CASIOPEÍNA (CAS III-E-A) Y EL TRÍOXIDO DE CROMO (CrO ₃)	182
CNG2013 052	Palomeque-Domínguez HH, Salas-del Barco NE, Zenteno- Alegría CO, Jonapá-Montoya RE, Flores-Montoya KA, Velázquez-Anaya F, Cruz-Pérez NH y Rincón-Rosales R	HUELLAS GENÓMICAS PARA ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD DE BACTERIAS ASOCIADAS AL <i>Agave</i> <i>americana</i>	183
CNG2013 054	Domínguez-López M, Uribe- Alcocer M y Díaz-Jaimes P	DIVERGENCIA GENÉTICA Y DEMOGRAFÍA HISTÓRICA DE LA SIERRA DEL GOLFO DE CALIFORNIA <i>Scomberomorus concolor</i> (LOCKINGTON, 1879) Y DE LA SIERRA DEL PACIFICO <i>Scomberomorus sierra</i> (JORDAN Y STARKS, 1895)	184
CNG2013 058	Granados-Flores VN, Ospina- Noreña JE, Villalobos-Pietrini R, Salceda-Sacanelles VM, Jiménez-Guzmán J y Guzmán- Rincón J	EFFECTO DE LAS CONDICIONES AMBIENTALES SOBRE EL POLIMORFISMO CROMOSÓMICO EN UNA POBLACIÓN NATURAL DE <i>Drosophila pseudoobscura</i> EN TULANCINGO, HIDALGO	185
CNG2013 060	Arellano-Llamas R, Dueñas- García IE, Santos-Cruz LF, Castañeda-Partida L, Durán- Díaz A y Heres-Pulido ME	MODULACIÓN DE LA VITAMINA C Y EL FeSO ₄ SOBRE LA ACTIVIDAD GENOTÓXICA DEL 4-NQO, EN SMART EN ALA DE <i>Drosophila</i> <i>melanogaster</i> (CRUZAS E Y BE)	186

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Jueves 3

Carteles, Sesión 2 Foyer Gran Diamante

Clave	Autores	Titulo	Página
CNG2013 068	Jasso-Jasso CA, Soto-Dorado LA, Torres Orozco R, Martínez-Acuña MI, Ayala Luján JL, Hernandez Barrales M, Zapata-Sosa I y Godina-González S	DETERMINACIÓN DEL SNP CT60 Y SU RELACIÓN CON EL DESARROLLO DE LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA EN PACIENTES PEDIÁTRICOS	187
CNG2013 070	Flores-Márquez AR, Pérez-Guzmán VA, Amador-Muñoz O, Gómez-Arroyo S, Cortés-Eslava J y Villalobos-Pietrini R	DAÑO AL ADN EN LINFOCITOS HUMANOS EXPUESTOS A LOS COMPUESTOS ORGÁNICOS CONTENIDOS EN LAS PARTÍCULAS DEL AIRE DE UNA ZONA INDUSTRIAL	188
CNG2013 072	Torres-Espíndola LM, Velázquez-Cruz R, Falfán-Valencia R, Salcedo-Vargas M, Nambo-Lucio MJ, Salinas-Lara C, Chavez-Pacheco JL, Granados-Montiel J, Granados Arriola J, Solorio-López E y Castillejos-López MJ	POLIMORFISMOS DEL GEN TNF Y SUSCEPTIBILIDAD DE DESARROLLAR LINFOMA DE HODGKIN EN PACIENTES MEXICANOS	189
CNG2013 078	Velarde-Félix JS, Sánchez-Zazueta JG, Olimón-Andalón V, Ochoa Ramírez LA, Cázarez-Salazar SG, Osuna Ramírez I y Díaz- Camacho SP	EFFECTO DE LOS ALELOS DELTA 32 (CCR5) Y 801A (SDF-1) EN LA INFECCIÓN POR VIH/SIDA	190
CNG2013 084	Guzman Oroztico JI y Stephano Hornedo JL	TRANSFECCIÓN DE UNA SECUENCIA CODIFICANTE DE LA ENZIMA DIACILGLICEROL ACILTRANSFERASA COMO MEDIO PARA INCREMENTAR LA ACUMULACIÓN DE TRIGLICERIDOS EN <i>Dunaliella salina</i>	191
CNG2013 090	López-Álvarez F, Jiménez-Vega F y López Díaz JA	EFFECTO DEL CONSUMO DE SARDINA SOBRE LA EXPRESIÓN DE LOS GENES SCD-1 Y CYP7A-1, IMPLICADOS EN EL METABOLISMO DE LÍPIDOS	192

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Jueves 3

Carteles, Sesión 2 Foyer Gran Diamante

Clave	Autores	Titulo	Página
CNG2013 092	Quezada Cruz I, Domínguez Arrevillaga S, Martínez Rodríguez H, Lugo Trampe Á, Canseco Ávila L, Espinoza Ruiz M, Trujillo Murillo K, Sánchez González R y Serrano Guzmán E	FRECUENCIA DEL POLIMORFISMO G2677A DEL GEN MDR-1 ASOCIADO A LEUCEMIA Y EN UN GRUPO CONTROL	193
CNG2013 100	Chena-Becerra F, Lozada-García JA y Palmeros-Sánchez B	ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE TRES ESPECIES DE USO MEDICINAL SOBRE AISLADOS DE IMPORTANCIA CLÍNICA	194
CNG2013 102	Manzo-Sánchez G, Guzmán-González S, Buenrostro-Nava MT, Orozco-Santos M, Martínez-Bolaños L, Islas-Flores I y Canto-Canche B	FRECUENCIA DE LOS ALELOS QUE CONFIEREN RESISTENCIA A AZOXISTROBIN Y BENOMIL EN AISLADOS DE <i>Mycosphaerella fijiensis</i>	195
CNG2013 104	Cruz-Martínez B, Fernández MS, Lozada García JA y Palmeros Sánchez B	ACTIVIDAD BIOLÓGICA DE EXTRACTOS ETANÓLICOS DE <i>Rubus</i> sp. EN <i>Artemia franciscana</i> KELLOGG 0	196
CNG2013 106	Jasso Martínez JM, Castañeda Sortibrán AN, Pozo de la Tijera MC, García Sandoval R y Rodríguez Arnaiz R	ESTUDIO DEL COMPLEJO JETHYS (LEPIDÓPTERA: PAPILIONOIDEA; <i>Enantia</i>) EN MÉXICO A TRAVÉS DEL CÓDIGO DE BARRAS	197
CNG2013 108	Martínez-Peña MD, Borrayo E, Morales-Valencia JA y Arteaga-Garibay R	SECUENCIA COMPLETA DE FLAGELINA COMO UN MARCADOR MOLECULAR INTER-ESPECÍFICO EN BACTERIAS	198



Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Viernes 4

Trabajos libres, Sesión 9 Salón Gran Diamante

Clave	Autores	Título	Horario	Página
CNG2013 097	Bermúdez-Guzmán MJ, Barbosa-Villa MI, Orozco-Santos M, Reyes-Castillo A y Guzmán-González S	DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE ENFERMEDADES EN CAÑA DE AZÚCAR	11:00 - 11:20	201
CNG2013 001	Rangel Villalobos H, Salazar Flores J y Rubi-Castellanos R	ESTRUCTURA Y RELACIONES GENÉTICAS ENTRE POBLACIONES MESTIZAS DE MÉXICO RESPECTO A EL CARIBE Y LATINOAMÉRICA A PARTIR DE STRS DEL CODIS	11:20 - 11:40	202
CNG2013 039	Pérez-Vera P, Sanabrais MA, Betancourt M, Navarrete-Meneses MP y Salas C	LA EXPOSICIÓN A PERMETRINA Y MALATIÓN INDUCE ALTERACIONES EN LOS GENES <i>ETV6</i> Y <i>RUNX1</i> Y ANEUPLOIDÍA EN LINFOCITOS HUMANOS <i>IN VITRO</i>	11:40 - 12:00	203
CNG2013 087	Márquez C y Ayala FJ	LA EVOLUCIÓN DE LAS ISLAS CpG EN LOS GENES <i>DDC</i> Y <i>AMD</i> ORIGINADOS POR DUPLICACIÓN EN ESPECIES DE <i>Drosophila</i>	12:00 - 12:20	204
CNG2013 096	Saint-Pierre C, Pacheco M, Yamaguchi- Shinozaki K, Bonnett D y Reynolds M	DESARROLLO Y CARACTERIZACIÓN DE ORGANISMOS GENÉTICAMENTE MODIFICADOS: TRIGO TOLERANTE A LA SEQUÍA	12:20 - 12:40	205

Congreso Nacional de Genética 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma

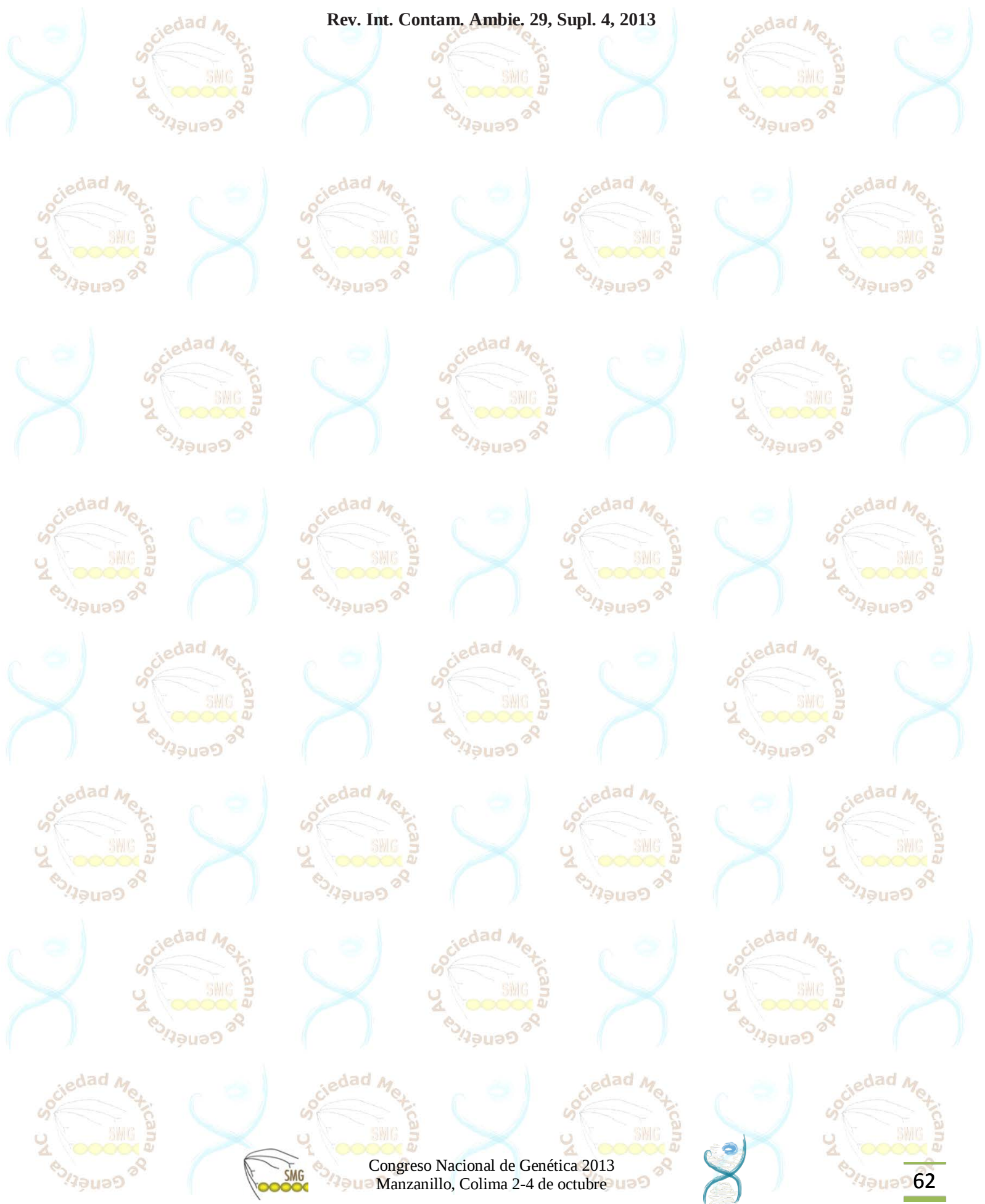
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

Viernes 4

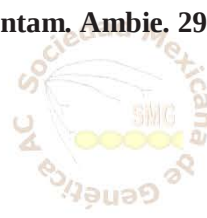
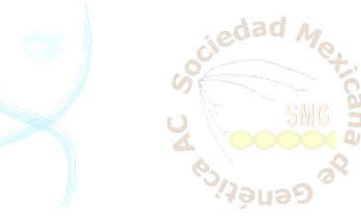
Trabajos libres, Sesión 10 Salón Perla III

Clave	Autores	Titulo	Horario	Página
CNG2013 066	Zepeda-Cisneros CS, Meza JS, Ibañez- Palacios J, García- Martínez V, De León Crisóstomo AH y Flores-García HS	APLICACIÓN DE LA GENÉTICA CLÁSICA PARA EFICIENTIZAR LA TÉCNICA DEL INSECTO ESTÉRIL EN LA MOSCA MEXICANA DE LA FRUTA <i>Anastrepha ludens</i>	11:00 - 11:20	209
CNG2013 045	Méndez-Pérez A, Contreras-Huerta S y Carranza-González MD	CAMBIOS COLPOSCÓPICOS INDUCIDOS POR AGENTES BIOLÓGICOS DE ORIGEN VENÉREO EN 67 BIOPSIAS CERVICALES Y EN CITOLOGÍA DE BASE LÍQUIDA	11:20 - 11:40	210
CNG2013 098	Vizcaíno Rodríguez LA., Mancilla Margali NA, Brena Becerril A y Arias Castro C	DISEÑO DE FRUCTANOS <i>IN VITRO</i> A PARTIR DE PROTEÍNAS NATIVAS Y RECOMBINANTES CON ACTIVIDAD FRUCTOSILTRANSFERASA	11:40 - 12:00	211
CNG2013 076	Buenrostro-Nava M, Gómez-Díaz C, Mendoza-Espinoza A, Meléndez-Naranjo G, Manzo-Sánchez G y Guzmán-González S	TRANSFORMACIÓN GENÉTICA DE DOS ESPECIES DE CÍTRICOS CON EL GEN <i>Attacina A</i> PARA RESISTENCIA A ' <i>Candidatus</i> <i>LIBERIBACTER spp.</i> '	12:00 - 12:20	212
CNG2013 089	Borjas-Galaviz ME, Crespo-Campos A, Lerma K, Rivero- Peña A, De la Mora Covarrubias A y Jiménez-Vega F	POLIMORFISMO DEL GEN DE INTERLEUCINA 1B (IL-1 β) Y SU ASOCIACIÓN CON PERIODONTITIS	12:20 - 12:40	213
CNG2013 082	Guillén-Andrade H, Lara-Chávez MBN, Torres-Gurrola G, Escalera-Ordaz AK y Tapia-Vargas LM	CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE GERMOPLASMA DE AGUACATE (<i>Persea americana</i> Mill.) CRIOLLO DE MICHOACÁN	12:40 - 13:00	214

RESÚMENES



Conferencias Magistrales



TEST DE MICRONÚCLEOS COMO BIOMARCADOR DE SALUD Y SU IMPLICACIÓN EN EL CÁNCER

García Sagredo JM

Genética Médica, Hospital Universitario Ramón y Cajal,
Facultad de Medicina, Universidad de Alcalá, Madrid

MICRONÚCLEOS COMO BIOMARCADORES DE MUTAGENICIDAD

Los micronúcleos (MN) son unas estructuras con las mismas características morfológicas que un núcleo pero de tamaño mucho más pequeño y localizados en el citoplasma. Se originan de fragmentos cromosómicos o cromosomas enteros que se quedan retrasados en la anafase durante la división nuclear. Por lo tanto, cada micronúcleo puede contener cromosomas enteros o fragmentos cromosómicos.

Los MN se describieron hace más de 100 años por Howell quien los denominó “fragmentos de material nuclear” y por Jolly que los llamó “corpúsculos intraglobulares”; por eso los hematólogos les conocían como los corpúsculos Howell-Jolly. Estos MN se encontraban con bastante frecuencia en las células que habían sido irradiadas. Evans *et al.* ya propusieron en 1959 el uso de los MN como marcadores del daño citogenético inducido por los neutrones y los rayos gamma en la raíz de *Vicia faba*.

Inicialmente, el test de MN permitía la detección de aberraciones cromosómicas de forma indirecta. Un impulso definitivo a esta técnica ocurrió en 1985 cuando Fenech y

Morley (1985) comienzan a utilizar la citocalasina B que impide la división del citoplasma pero no la del núcleo en la división celular. De esta forma se pueden observar a las células tras su primera división, con dos núcleos dentro de un único citoplasma. Con esta sencilla modificación se consiguió un análisis estandarizado.

La técnica de MN con citocalasina-B se conoce como test CBMN (*cytokinesis-block micronucleus*) y consiste en el análisis de 1.000 células binucleadas en las que se estima la tasa de MN. Normalmente, en un individuo normal, la tasa de MN en linfocitos periféricos es de 4 a 8 por 1,000 células binucleadas.

El gran éxito de la técnica de CBMN se basa en que es más fácil y rápida de realizar que la técnica de las aberraciones cromosómicas en metafase, permitiendo aumentar la capacidad de análisis de agentes químicos potencialmente genotóxicos tanto *in vitro* en células humanas como estudiar los efectos genotóxicos en poblaciones expuestas a aquellos, incluso posibilitando una dosimetría biológica tras exposiciones a radiación ionizante (Streffer *et al.* 1998). Además, hace posible estudiar la variación individual de respuesta a mutágenos como la “radio-

sensibilidad” (Shibamoto *et al.* 1991) de un individuo.

Con el test de CBMN ocasionalmente se observan “puentes” de cromatina, NPBs (*nucleoplasmatic bridges*), entre los dos núcleos de una célula binucleada o también una especie de ampollas a modo de excreción (*nuclear buds*) que salen de un núcleo. Mediante técnicas de FISH, se ha podido demostrar que los puentes de cromatina están formados por una traslocación entre dos o más cromosomas (Hoffelder *et al.* 2004). Las excrecencias nucleares, por el contrario, corresponden a amplificaciones génicas (Shimizu *et al.* 1998). Esto hace que se considere al test de CBMN como una prueba multipropósito ya que se pueden analizar roturas cromosómicas, no-disyunciones, índice de proliferación celular, apoptosis y, posiblemente traslocaciones cromosómicas y amplificaciones genómicas. Es lo que Fenech denomina “*Cytome assay*” o análisis citómico (Fenech 2006).

BIOMARCADORES DE SALUD

Dado que el test CBMN es de fácil aplicación tanto en grupos de población expuestos a una genotóxico como experimentalmente para analizar posibles genotóxicos, es una alternativa para estudios a gran escala y está tomando un auge importante en su aplicación como un biomarcador útil en salud ambiental (Albertini 2001) ofreciendo grandes progresos en su validación como marcador predictivo de salud (Bonassi *et al.* 2001).

En este sentido, han resultado clarificadoras varias publicaciones de los grupos de Hagmar y Bonassi que revisan a posteriori los datos de estudios realizados en poblaciones normales escandinavas e italianas. Analizando el estado de salud y la supervivencia, se observó que la tasa de micronúcleos tiene una correlación positiva con el cáncer (Bonassi *et al.* 2007), de forma que si se divide a una población normal en tres centiles de acuerdo a la frecuencia de MN, bajo, medio y alto, se observa un RR

para cáncer de 1,83 y 1,53 para los percentiles medio y alto, respectivamente, destacando un RR por encima de 1,5 en el cáncer de pulmón, estomago, colorectal y, sobre todo, urogenital, éste con un RR de 2,83.

SIGNIFICADO Y POSIBILIDADES DE FUTURO:

Publicaciones recientes sobre el inicio del cáncer comienzan a implicar a los MN como uno de los actores en el complejo proceso de la carcinogénesis. Uno de ellos es la cromotripsis, Stephens y *et al.* (2011) proponen éste término para definir un hecho “catastrófico” que sería el responsable del inicio del cáncer. Esta catástrofe se produciría por la pulverización de un cromosoma y su recomposición posterior que daría lugar a numerosos reajustes o traslocaciones cromosómicas. Crasta *et al.* (2012) postulan que los MN procedentes de los errores de segregación inducirían la cromotripsis. Recientemente Holland y Cleveland (2012) revisan, analizan y resumen estos procesos introduciendo un nuevo término: cromooanagénesis, el nacimiento de un nuevo cromosoma tras el proceso de cromotripsis y en el que, de nuevo, el MN sería una pieza fundamental para entender todo el proceso. La hipótesis que plantean Holland y Cleveland, se basa en que el ADN contenido en los MN tiene una replicación alterada, generalmente tardía y cuando entra en la mitosis se produce la cromotripsis. Esta pulverización de un cromosoma se puede reparar resultando un cromosoma nuevo con numerosos reajustes, con pérdidas de algunos segmentos e incluso con aumento en el número de copias de otros. Posteriormente, el nuevo cromosoma puede “incorporarse” a una nueva división celular y formar parte del genoma de una de las células hijas. Por lo tanto, los MN no solo son unos biomarcadores de salud o de daño genético temprano sino que además podrían ayudar a explicar por qué el cáncer puede surgir de un hecho simple y aislado capaz de provocar un gran número de alteraciones genómicas.

REFERENCIAS

- Albertini R.J. (2001). Developing sustainable studies on environmental health. *Mutat. Res.* 480-481, 317-331.
- Bonassi S., Neri M. y Puntoni R. (2001). Validation of biomarkers as early predictors of disease. *Mutat. Res.* 480-481, 349-358.
- Bonassi S., Znaor A., Ceppi M., Lando C., Chang W.P., Holland N., Kirsch-Volders M., Zeiger E., Ban S., Barale R., Bigatti M.P., Bolognesi C., Cebulka-Wasilewska A., Fabianova E., Fucic A., Hagmar L., Joksic G., Martelli A., Migliore L., Mirkova E., Scarfi M.R., Zijno A., Norppa H. y Fenech M. (2007). An increased micronucleus frequency in peripheral blood lymphocytes predicts the risk of cancer in humans. *Carcinogenesis* 28, 625-631.
- Crasta K., Ganem N.J., Dagher R., Lantermann A.B., Ivanova E.V., Pan Y., Nezi L., Protopopov A., Chowdhury D. y Pellman D. (2012). DNA breaks and chromosome pulverization from errors in mitosis. *Nature* 482, 53-58.
- Evans H.J., Neary G.J. y Williamson F.S. (1959). The relative biological efficiency of single doses of fast neutrons and gamma-rays on *Vicia faba* roots and the effect of oxygen. Part II. Chromosome damage: the production of micronuclei. *Int. J. Radiat. Biol.* 1, 216-229.
- Fenech M. (2006). Cytokinesis-block micronucleus assay evolves into a "cytome" assay of chromosomal instability, mitotic dysfunction and cell death. *Mutat. Res.* 600, 58-66.
- Fenech M. y Morley A. (1985). Solutions to the kinetic problem in the micronucleus assay. *Cytobios* 43, 233-246.
- Hoffelder D.R., Luo L., Burke N.A., Watkins S.C., Gollin S.M. y Saunders W.S. (2004). Resolution of anaphase bridges in cancer cells. *Chromosoma* 112, 389-397.
- Holland A.J. y Cleveland D.W. (2012). Chromoanagenesis and cancer: mechanisms and consequences of localized, complex chromosomal rearrangements. *Nat. Med.* 18, 1630-1638.
- Shibamoto Y., Streffer C., Fuhrmann C. y Budach V. (1991). Tumor radiosensitivity prediction by the cytokinesis-block micronucleus assay. *Radiat. Res.* 128, 293-300.
- Shimizu N., Itoh N., Utiyama H. y Wahl G.M. (1998). Selective entrapment of extrachromosomally amplified DNA by nuclear budding and micronucleation during S phase. *J. Cell Biol.* 140, 1307-1320.
- Stephens P.J., Greenman C.D., Fu B., Yang F., Bignell G.R., Mudie L.J., Pleasance E.D., Lau K.W., Beare D., Stebbings L.A., McLaren S., Lin M.L., McBride D.J., Varela L., Nik-Zainal S., Leroy C., Jia M., Menzies A., Butler A.P., Teague J.W., Quail M.A., Burton J., Swerdlow H., Carter N.P., Morsberger L.A., Iacobuzio-Donahue C., Follows G.A., Green A.R., Flanagan A.M., Stratton M.R., Futreal P.A. y Campbell P.J. (2011). Massive genomic rearrangement acquired in a single catastrophic event during cancer development. *Cell* 144, 27-40.
- Streffer C., Muller W.U., Kryscio A. y Bocker W. (1998). Micronuclei-biological indicator for retrospective dosimetry after exposure to ionizing radiation. *Mutat. Res.* 404, 101-105.



USO Y APLICACIÓN DE LA SECUENCIACIÓN MASIVA PARA EL ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD MICROBIANA ASOCIADA A RIZÓSFERA DE MAÍZ MEXICANO

Arteaga Garibay RI

Laboratorio de Recursos Genéticos Microbianos del Centro Nacional de Recursos Genéticos del INIFAP

arteaga.ramon@inifap.gob.mx

Hoy en día, el estudio de la diversidad microbiana se ha convertido en una de las líneas de investigación más relevantes en el área de la Ecología Microbiana, no sólo por su papel en el conocimiento de la función, estructura y evolución de las poblaciones que componen una comunidad microbiana, sino como una fuente importante de investigación médica y biotecnológica. Durante los últimos cinco años, ha sido factible la inclusión de técnicas de metagenómica a gran escala basadas en el análisis de fragmentos de genomas de microorganismos de ambientes naturales, o el uso de metodologías alternativas de secuenciación.

El maíz y sus variedades son endémicos de México, algunos presentan una distribución muy restringida en el territorio nacional y se consideran como el sitio de origen de germoplasma del maíz. Existen estudios enfocados en la conservación de las especies endémicas de los centros de origen y de la diversidad del maíz. En el suelo rizosférico de estos cultivos se desarrollan los ciclos biogeoquímicos que mantienen la homeostasis entre los ecosistemas terrestres y el medio ambiente. El componente biótico del suelo rizosférico puede emplearse como un indicador de impacto biológico en el manejo agronómico; por lo anterior, la diversidad y cantidad de microorganismos presentes en suelo rizosférico podrían reflejar factores que

favorecen el desbalance ecológico o problemas fitosanitarios. En el suelo rizosférico de los cultivos de maíz, se desarrollan diversas reacciones que mantienen la homeostasis entre los ecosistemas terrestres y el medio ambiente; además, es el hábitat de una gran diversidad de microorganismos, como: bacterias, virus, hongos, actinomicetos, algas y protozoarios. La biomasa microbiana del suelo está conformada entre el 25 al 30% de bacterias, alrededor de 10^6 y 10^7 bacterias/g de suelo.

La biodiversidad de los microorganismos, puede definirse como la variabilidad dentro de las especies, entre especies y entre los ecosistemas de los microorganismos de diferentes nichos microbianos. La caracterización y conteo de los diferentes microorganismos o unidades operacionales taxonómicas (OTU's) es compleja; es por ello que en los últimos años se han desarrollado diferentes estrategias moleculares que permiten una identificación y caracterización de los microorganismos que constituyen a una comunidad. Con los datos generados de los genomas secuenciados y el interés de conocer el comportamiento de los microorganismos presentes en diversos hábitats, se ha desarrollado la metagenómica que se fundamenta en el análisis no dependiente de cultivo de una mezcla de microorganismos presentes en una muestra determinada, con un

enfoque basado en expresión o secuenciación de genes. En la literatura, se hace referencia de que menos del 1% del total de los microorganismos presentes en el ambiente son cultivables, lo cual resalta la relevancia del empleo de una técnica no dependiente de cultivo para el análisis de las comunidades microbianas. Los análisis metagenómicos han permitido la detección de novedosos compuestos con uso potencial en bioprospección, la identificación de numerosas especies nuevas (filotipos), la caracterización de las comunidades microbianas en ambientes extremos y la caracterización de perfiles metabólicos de la microbiota de ambientes complejos. También, el DNA metagenómico se ha empleado para realizar estudios de la diversidad microbiana basándose en la detección de los genes ribosomales (16S rDNA) presentes en diversas fuentes, entre otros marcadores moleculares; siendo la construcción de genotecas y bibliotecas metagenómicas las principales estrategias (del gen 16S rDNA, genoma, metagenoma).

En México, existe el interés por aislar y caracterizar microorganismos autóctonos de suelo para su uso agrícola, sobretodo de aquellas plantas que son importantes para la seguridad agroalimentaria; como el maíz sin embargo, las estrategias comúnmente empleadas en este tipo de estudios demandan cierta infraestructura y equipamiento para realizar los ensayos en laboratorio, tanto por métodos tradicionales de microbiología y por métodos moleculares; además, se debe considerar el número de horas-hombre que se requieren para desarrollarlos.

El estudio de la diversidad microbiana asociada a suelo rizosféricos de maíz, tiene como objetivos la utilización de estrategias microbiológicas y moleculares en metagenómica para conocer el comportamiento de los microorganismos presentes en la rizósfera de algunas razas de maíz mexicano. La estrategia experimental para el estudio de la biodiversidad se

fundamenta en el análisis de porción cultivable mediante métodos microbiológicos con base en el uso de medios de cultivos selectivos y diferenciales, y la identificación mediante perfiles bioquímicos y espectrometría de masas (MALDI TOF); así como el análisis de las poblaciones microbianas no cultivables mediante el uso de secuenciación masiva utilizando la plataforma de secuenciación iónica Ion Torrent® para la creación de librerías metagenómicas utilizando como marcador algunas regiones del gen 16S rDNA presente en bacterias, y algunos otros marcadores como las regiones intergénicas (ITS's) del gen 18S rDNA para hongos.

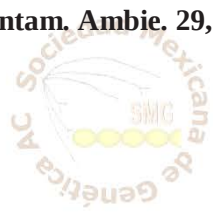
La comparación de resultados de los métodos dependientes de cultivo y los no dependientes de cultivo, permitirán conocer cuáles son microorganismo asociados al suelo rizosférico de 10 variedades de maíz con importancia para la obtención un óptimo desarrollo de estos cultivos. El estudio de la rizósfera se realiza en tres etapas: muestreo previo al arado del suelo, muestreo a los 40 días de la siembra del maíz y a los 80 días de la siembra del maíz, con el propósito de obtener un panorama más amplio sobre el comportamiento de las comunidades microbianas presentes en el suelo rizosférico de algunas variedades de maíz; simultáneamente se podrán inferir posibles procesos metabólicos presentes es este tipo de suelos, que son importantes en el desarrollo de los cultivos de maíz.

Para el análisis de los índices de diversidad de especies microbianas las metodologías utilizadas por ecólogos para plantas y animales no son apropiadas, debido a la inherente dificultad de definir una especie de microorganismos. Arbitrariamente, se determinan algunas pautas para definir un biotipo, lo que conduce a un gran problema estadístico. Se sugiere en este trabajo una medida basada en disimilitud para intentar así la definición de una especie basada en una medida estadística. Se recomienda para los

estudios de diversidad de microorganismos del suelo que el índice elegido cumpla con los siguientes parámetros: 1) Que contemple las siguientes dimensiones: riqueza de especies o número diferente de biotipos, abundancia relativa y distancias taxonómicas. 2) La escogencia del índice se debe dar por parámetros establecidos que se ajusten a los objetivos del estudio. 3) Que el índice elegido sea poco sensible a pequeños cambios en los datos. 4) Que el tamaño de la muestra sea significativo. Para poder establecer la riqueza de especies y abundancia relativa de una determinada especie se debe tener una gran exactitud en la definición de especie, como esto es difícil en microbiología, el uso de estos valores no son adecuados, además los índices apropiados no se deben basar en diversidad de especies.

Los estudios de diversidad de los microorganismos han evolucionado significa-

tivamente en los últimos años ya que se ha pasado de aplicar los formulismos clásicos que se utilizan en la ecología de los organismos macros a conceptualizar el problema desde una nueva perspectiva: la microbiológica. Los métodos propuestos por varios investigadores en los que los estudios de diversidad pasan de un plano fenotípico a uno genotípico han representado un gran aporte a la ecología del suelo, ya que por estos métodos se puede valorar una gran cantidad de microorganismos que no son cultivables en medios de laboratorio y que, según algunos autores, representan más del 99% de la microbiota total. Ahora el camino que se proyecta a futuro en estas investigaciones se debe encaminar a tratar de dilucidar las interacciones que se presentan en estos ecosistemas para así poder llevar estos conocimientos a la conservación y al mejoramiento de la productividad de los ecosistema



IDENTIFICACIÓN FILOGENÉTICA DE NUEVAS BACTERIAS FITOPATÓGENAS EN MAÍZ

Silva Rojas HV, Peralta-Nava JA y Uribe-Cortés TB

Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Producción de Semillas, Km. 36.5 carretera México-Texcoco, Mpio. de Texcoco, Edo. de México 56230, México.

hsilva@colpos.com

INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los cereales que constituye una fuente de alimento para consumo humano y de manera indirecta para su uso en la industria (FAO 2002). La producción en México y América Latina está dedicada principalmente al autoconsumo y los volúmenes de importación para cubrir la demanda de los mercados nacionales van en incremento (SIAP 2012). Aunque la superficie anual sembrada en México varía ligeramente, la producción total está sujeta a factores adversos que pueden reducir los rendimientos. Entre ellos podemos mencionar condiciones ambientales adversas, el empobrecimiento de los suelos y la presencia de plagas y enfermedades. Dentro de las enfermedades se han reportado al menos 200 agentes causales de enfermedades que incluyen hongos, bacterias, fitoplasmas, virus y nematodos (White 2003).

Las bacterias constituyen un grupo muy importante de fitopatógenos debido a que en condiciones ambientales favorables causan pérdidas en rendimiento, además del riesgo potencial de transmisión a través de la semilla (Palacio-Bielsa *et al.* 2009). En este sentido los programas de certificación de semillas consideran cero como nivel de tolerancia

debido a que una sola célula bacteriana es capaz de iniciar el proceso de infección y en un corto tiempo extenderse a otros campos causando epidemias que son difíciles de controlar (Munkvold 2009).

La región de Valles Altos o Altiplano Central de México, comprende los Valles Altos y fríos de los estados de Guerrero, Morelos, Puebla, Tlaxcala y México (Muñoz 2003). En el Estado de México se producen alrededor de 649,000 t de las 2.8 millones de toneladas que se producen en esta región que contribuye con el 15.9% del total de la producción de maíz a nivel nacional (SIAP, 2011).

Por esta razón durante 2007 a 2010 se realizaron monitoreos continuos en la zona de los valles Altos de México, para registrar la presencia de enfermedades bacterianas, se observó síntomas de estrías cloróticas que iniciaban desde la base o ápice de la hoja de manera irregular, así como ondulaciones en el borde de las hojas y retorcimiento de la hoja apical. Con el objetivo de identificar a nivel filogenético los agentes causales de esta sintomatología se procedió a aislar los microorganismos asociados para identificación mediante la amplificación de genes ribosomales y nucleares mediante MultiLocus Sequences Typing (MLST).

MATERIALES Y MÉTODOS

Colecta de muestras: Durante la primavera-verano 2007-2010, se colectaron hojas con síntomas de estrías cloróticas, ondulaciones en el borde de las hojas y retorcimiento de la hoja apical de los híbridos Triunfo, HS2 y del maíz nativo Cacahuacintle en los municipios de Montecillo, Tecámac y Chalco en el Estado de México.

Aislamiento: Se seleccionaron pequeñas porciones de tejido de la zona de avance de los síntomas, se desinfestaron con una solución de hipoclorito de sodio al 1% y se enjuagaron con agua destilada estéril. Posteriormente se maceraron y se estriaron en medio de cultivo B de King y YDC. Después de 72 h se observó el crecimiento de diversas colonias, las que se purificaron para realización de pruebas fisiológicas como tinción de Gram y determinación del metabolismo oxidativo-fermentativo mediante la prueba de Hugh & Leifson (Schaad *et al.* 2001). Posteriormente se procedió a la identificación molecular.

Extracción de DNA: Se realizó de acuerdo al protocolo de CTAB 2% (Tris- HCl 100 mM pH 8.0; EDTA 2H₂O mM, CTAB 2%; NaCl 1.4 M) propuesto por Doyle y Doyle, 1990. La concentración y calidad del DNA se verificaron mediante el espectrofotómetro NanoDrop 2000 UV-Vis (Thermo Scientific, USA) y por electroforesis en gel de agarosa al 1.5 %, los geles se tiñeron con GelRedTM (Biotium, USA).

Amplificación de la subunidad pequeña del DNA ribosomal: Se amplificó el gen 16S rRNA con los iniciadores 8F (5'-agagtttgatcctggctcag -3') y 1492R (5'-gggtacctgttacgactt -3'). La mezcla de reacción se preparó con: 5x buffer, 2.5 mM de dNTP's, 10 pM de cada iniciador, 5U de Taq DNA polimerasa, 100 ng de DNA. La PCR se llevó a cabo en un termociclador (BIORAD C-100 Touch, USA); con las siguientes condiciones de amplificación:

desnaturalización inicial de 95 °C por 2 min; seguido de 30 ciclos de desnaturalización a 95 °C por 1 min, alineamiento a 59 °C por 30 s y extensión a 72 °C por dos min; extensión final un ciclo a 72 °C por 10 min.

La verificación de los productos amplificados se realizó mediante electroforesis horizontal como se describió anteriormente, los productos amplificados se limpiaron con ExoSAP-IT (Affymetrix, USA) de acuerdo a las instrucciones del fabricante.

Amplificación de genes nucleares MLST: Se realizó la amplificación de los genes 'housekeeping': *rpoB*, *gyrB*, *recA*, *tef*, *pyrG* y *atpD*. Las amplificaciones se realizaron de acuerdo a Miyoshi-Akiyama *et al.* (2013) y la verificación de los productos amplificados se realizaron por medio de electroforesis horizontal.

La secuenciación de los fragmentos amplificados se realizó con el bigdye terminator v3.0 (Applied Biosystems, USA) y la secuenciación se realizó en ambas direcciones con el Genetic Analyzer modelo 3130 (Applied Biosystem, USA).

Análisis filogenético: Para obtener la secuencia consenso de cada aislamiento se ensamblaron y editaron de manera independiente con la opción CAP (Contig Assembly Program) del Software BioEdit v7.0.9.1. (Hall 1999). La reconstrucción filogenética se realizó con el método de inferencia Bayesiana usando MrBayes 3.1 (Huelsenbeck y Ronquist 2005) con secuencias concatenadas, se usó 10 000 000 de generaciones. Se incluyó como referencia a las secuencias tipo depositadas en GenBank.

RESULTADOS

Aislamientos obtenidos: Además de los síntomas descritos en la metodología se observó que las plantas mostraron reducción de la lámina foliar y acortamiento de entrenudos. De las muestras con síntomas de

ondulamiento en los bordes de las hojas que permanecieron de color verde oscuro no se obtuvo el crecimiento de ninguna colonia. Sin embargo, de los aislamientos realizados a partir de estrías cloróticas localizadas en la base o ápice de la lámina foliar (Fig. 1) se obtuvieron 84 aislamientos que mostraron características morfológicas similares.

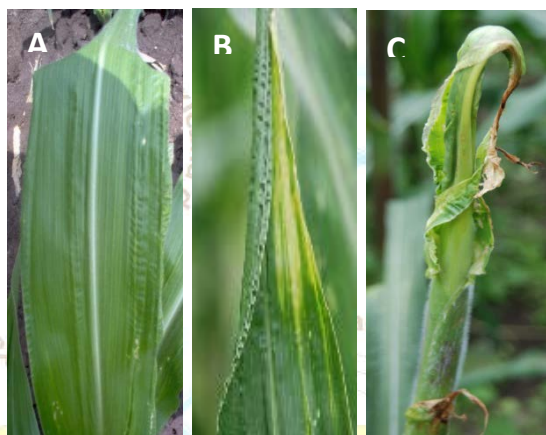


Figura 1. Síntomas observados en el híbrido trilineal Triunfo. A. Síntomas de ondulaciones en los bordes de la lámina foliar. B. Síntomas de estrías cloróticas, ondulaciones y abarquillamiento de la hoja. C. Necrosis del ápice de crecimiento.

Las colonias que desarrollaron en medio B de King y YDC tuvieron bordes lisos y enteros, superficies convexas con una coloración que varió de amarillo pálido translúcido a amarillo intenso. Todas las bacterias fueron Gram negativas, pero con base al metabolismo oxidativo/fermentativo se pudieron separar en dos grupos: uno con metabolismo aeróbico y otro grupo con metabolismo anaeróbico.

Análisis filogenético: La comparación de las secuencias consenso en la base de datos de GenBank del National Center for Biotechnology Information, indicaron que los aislamientos correspondieron a *Pantoea agglomerans*, *P. ananatis* y *Stenotrophomonas maltophilia*, todos miembros de las Gamma Proteobacteria.

La identificación mediante la amplificación del gen 16S rRNA y de los genes MLST indicaron que las bacterias aisladas se agruparon en dos grupos: El primer grupo estaba formado por dos clados, todos los miembros presentaron metabolismo fermentativo, el clado I incluyó aislamientos perteneciente a *P. agglomerans* y el clado II agrupó a los aislamientos pertenecientes a *P. ananatis*. En el clado III se agruparon todos los aislamientos identificados como *S. maltophilia*, este resultado fue concordante con el tipo de metabolismo oxidativo determinado con la prueba de Hugh y Leifson (Fig. 2).

DISCUSIÓN

En la actualidad el maíz es uno de los cuatro alimentos más importantes en todo el mundo. En México y Mesoamérica representa el alimento principal de más de la mitad de la población. Sin embargo, la presencia de factores bióticos y abióticos pueden reducir la producción de semilla y grano y por consiguiente la obtención de alimentos y productos de excelente calidad (White 2003).

Debido a la importancia de este cultivo se ha puesto especial interés en el mejoramiento genético para resistencia a plagas y enfermedades, en este proceso la selección de progenitores con una alta calidad fitosanitaria es uno de los factores más importantes, debido a que existe el riesgo de la transmisión de enfermedades a los nuevos híbridos (Block *et al.* 1998).

Algunas estrategias tecnológicas basadas en DNA permiten la detección oportuna y correcta identificación de un organismo patógeno en la semilla, de esta manera se puede evitar la introducción de nuevas enfermedades en áreas donde han estado ausentes (Gadsby *et al.* 2011). Estas pruebas ofrecen mayor sensibilidad y especificidad que los métodos convencionales, especialmente para la detección de bacterias

fitopatógenas en distintos hospedantes y ambientes (Vincelli y Tisserat 2008). Algunos países han implementado sistemas de cuarentena y regulación para evitar la difusión y/o prevención de la introducción de patógenos exóticos.

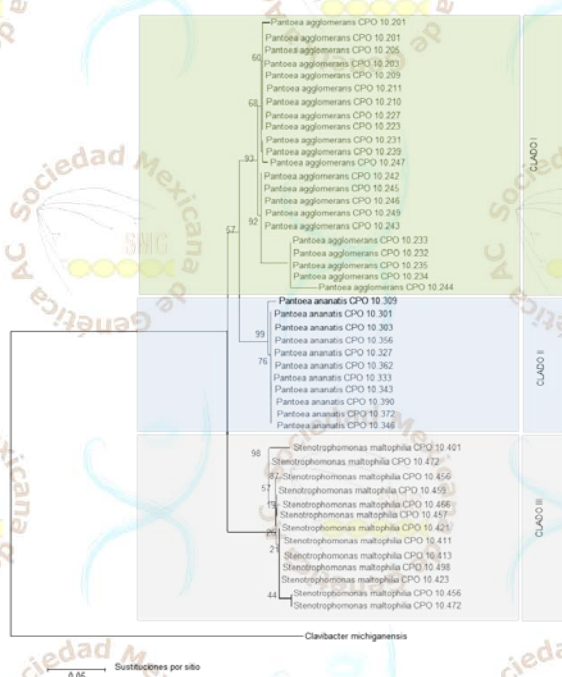


Figura 2. Árbol filogenético construido con el método de inferencia bayesiana con secuencias concatenadas de 5 genes housekeeping. Clado I formado por *Pantoea agglomerans* complex. Clado II formado por aislamientos de *P. ananatis*. Clado III formado por *Stenotrophomonas maltophilia*. *Clavibacter michiganensis* es utilizado como fuera de grupo.

Los métodos basados en la amplificación de genes nucleares y en la técnica MLST han demostrado ser extremadamente útiles para la reconstrucción filogenética e identificación de bacterias de importancia económica o de comunidades microbianas en semilla (Liu *et al.* 2012), estas metodologías permitieron identificar a *P. agglomerans* (Morales-Valenzuela *et al.* 2007) afectando maíz y otros cultivos en otras regiones del mundo, *P. ananatis* (Alippi 2010, Goszczynska *et al.* 2007, Coutinho y Venter 2009, Silva-Rojas *et al.* 2011) y *S. maltophilia* como nuevos patógenos potenciales presentes en maíz en la

región de Valles Altos de México. Todas estas especies están asociadas a estrías cloróticas en maíz y en caso de *P. agglomerans* se ha reportado la transmisión por semilla (Silva-Rojas *et al.* 2010). La patogenicidad de estas tres especies se ha confirmado siguiendo los postulados de Koch (datos no mostrados).

Estas nuevas tres enfermedades se suman a *Pseudomonas avenae* (= *Acidovorax citrulli* comb. Nov. Bull *et al.* 2012), *Erwinia chrysanthemi* (= *Dickeya chrysanthemi* nov. comb. Samson *et al.* 2005), *Pantoea stewartii* (CIMMY, 2004), *Clavibacter michiganensis* subesp. *nebraskensis*, *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* (Beattie y Marcell, 2002), *Xanthomonas campestris* bacterias reportadas previamente para el cultivo de maíz en otras regiones del mundo (Donald, 2004).

CONCLUSIONES

Se ha identificado a *P. agglomerans* y *P. ananatis*, especies del grupo de las Gram negativas, anaeróbica y a *Stenotrophomonas maltophilia*, bacteria aeróbica con características morfológicas muy similares a *P. agglomerans* y *P. ananatis* asociadas a estrías cloróticas, al enrollamiento de la hoja apical y muerte prematura de la planta. Estas bacterias se han aislado tanto en Cachuacintle (maíz nativo) como en el híbrido comercial Triunfo. Se observó una menos incidencia de estrías cloróticas en el híbrido HS2.

AGRADECIMIENTOS

Los autores desean agradecer al Laboratorio de Biotecnología y Patología de Semillas, a la Línea Prioritaria de Investigación 5: Biotecnología Microbiana, Vegetal y Animal del Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo por las facilidades brindadas para realizar la presente investigación.

REFERENCIAS

- Alippi A.M. y López A.C. (2010). First report of leaf spot disease of maize caused by *Pantoea ananatis* in Argentina. Plant Dis. 94, 487.
- Block C.C., Hill J.H. y McGee D.C. (1998). Seed transmission of *Pantoea stewartii* in field and sweet corn. Plant Dis. 82, 775-780.
- Coutinho T.A. y Venter S.N. (2009). *Pantoea ananatis*: an unconventional plant pathogen. Mol. Plant Pathol. 10, 325-335.
- Doyle J.J. y Doyle J.L. (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus 12, 13-15.
- Gadsby N.J., Onen A., Sally-Anne P., Tysall L. y Breusch S.J. (2011). Evaluation of real-time 16S rDNA PCR and pyrosequencing for routine identification of bacteria in joint fluid and tissue specimens. Op. J. Med. Microbiol. 1, 1-6.
- Goszczynska T., Venter S.N. y Coutinho T. A. (2007). Isolation and identification of the causal agent of brown stalk rot, a new disease of corn in South Africa. Plant Dis. 91, 711-718.
- Hall T.A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symp Ser. 410, 95-98.
- Huelsenbeck J.P. y Ronquist R. (2005). Bayesian analysis of molecular evolution using MrBayes. Pages 183-232 in Statistical Methods in Molecular Evolution (R. Nielsen, ed.). Springer-Verlag.
- International seed Testing Association. (2012). International Rules for Seed Testing. Published by The International Seed Testing Association. Bassersdorf, CH-Switzerland.
- Morales-Valenzuela G., Silva-Rojas H.V., Ochoa-Martínez D., Valadez-Moctezuma E., Alarcón-Zúñiga B., Zelaya-Molina L.X., Córdova-Téllez L., Mendoza-Onofre L., Vaquera-Huerta H., Carballo-Carballo A., Farfán-Gómez A. y Ávila-Quezada G. (2007). First report of *Pantoea agglomerans* causing leaf blight and vascular wilt in maize and sorghum in Mexico. Plant Dis. 91, 1365-1365A.
- Miyoshi-Akiyama T, Hayakawa K, Ohmagari N, Shimojima M y Kirikae T. (2013) Multilocus Sequence Typing (MLST) for characterization of *Enterobacter cloacae*. PLoS ONE 8(6): e66358. doi:10.1371/journal.pone.0066358.
- MunKvold G.P. (2009). Seed pathology progress in academia and industry. Annu. Rev. Phytopathol. 47, 285-311.
- Palacio-Bielsa A., Cambra M.A. y López M. M. (2009). PCR detection and identification of plant-pathogenic bacteria: update review protocols (1989-2007). J. Plant Pathol. 91, 249-297.
- Schaad N.W., Jones J.B. y Chun W. (2001). Laboratory Guide for Identification of Plant Pathogenic Bacteria. APS Press. St. Paul. Minn. USA. 373 pp.
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. (2010). SIAP (<http://www.siap.gob.mx/>, consultada en Mayo, 2012).
- Silva-Rojas H.V., Esker P.D., Mahuku G., Peralta-Nava J.A., Cortés-Cueto AL. y Rodríguez-Herrera, J.A. (2012). *Pantoea ananatis*, a maize plant pathogenic bacterium associated with chlorotic streaks and rolling upper leaves. Phytopathology 102, S6.6.
- Silva-Rojas H.V., Mahuku G. y Esker P.D. (2010). *Pantoea agglomerans*, a maize seed transmitted bacterium in Mexico. Phytopathology 100, S119.
- The CIMMYT Maize Program. (2004). Maize Diseases: A Guide for Field Identification. 4th edition. México, D.F.: CIMMYT. 119 pp.
- The Statistics Division of the FAO. (2012) (<http://faostat.fao.org/default.aspx>, consultada en Enero, 2013).
- Vincelli P. y Tisserat N. (2008). Nucleic acid-based pathogen detection in applied plant pathology. Plant Dis. 92, 660-669.
- White P. J. y Lawrence A. J. (2003). Corn Chemistry and Technology. Second edition. American Association of Cereal Chemist, Inc. St. Paul, Minnesota, USA. 892 pp.



Trabajos libres

Miércoles 2, octubre 2013

Sesión 1



EL USO DEL CONCEPTO DE ÉSTASIS EN CITOGENÉTICA COMPARADA

Márquez C

Facultad de Ciencias, UABC-Ensenada, B.C.

cmarquez@uabc.edu.mx

El concepto de éstasis evolutiva se utilizó inicialmente para presentar los casos del registro fósil donde no se apreciaban cambios notables a lo largo del tiempo geológico. Sin embargo en el presente algunos autores han ampliado su aplicación a otros campos de la Biología como la Citogenética animal donde comparan los cariotipos de especies diversas. En algunos artículos los autores exponen los cariotipos de varias especies que son estudiados mediante las técnicas clásicas de tinción uniforme donde comparan número, tamaño y forma de los cromosomas, y con frecuencia llegan a la idea de que no han cambiado entre una especie y otra, por lo que concluyen que tienen un caso de estabilidad cariotípica en la divergencia de las especies. En este trabajo se presenta un análisis de los cariotipos de varias especies animales que cuando son examinados de manera gruesa tienen el mismo número, tamaño y forma de cromosomas. Algunos cariotipos del estudio provienen de este laboratorio (dos especies de mejillones y dos de almejas) y otras de la literatura como los de especies de moscas *Drosophila*, mejillones *Mytilus* y peces. Así se muestran ejemplos que corresponden a grupos taxonómicos distantes. Los resultados de los análisis indican que cuando sólo se emplean técnicas clásicas si es posible observar que aparentemente no hay cambios entre las especies por lo que en una aproximación inicial al problema, se puede sugerir éstasis. No obstante, la sugerencia anterior queda sin sostenimiento cuando se aplican técnicas adicionales como las de bandas G, NOR, y C, marcadores moleculares e hibridación *in situ*, técnicas de procesamiento digital de imágenes y de genómica comparada. Al final lo que se observa es que los cariotipos de las especies que son objeto de comparación muestran diferencias como transposiciones, translocaciones, duplicaciones, inversiones, entre otros cambios. Por ello se concluye que la palabra éstasis deberá de ser utilizada con precaución, puesto que en Citogenética con frecuencia no es pertinente su empleo, ya que indica evolución sin cambios.

ESTUDIO CITOGENÉTICO EN TORTUGAS DULCEACUÍCOLAS DE TABASCO

Hernández-Guzmán J*^{1,2}, Arias-Rodriguez L¹ y Indy JR¹

¹División Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, C.P. 86150, Villahermosa, Tabasco, México

²Instituto Tecnológico Superior de Comalcalco. Km 2.0 carretera vecinal Comalcalco-Paraíso, Ra. Occidente 3ra. Sección. C.P. 86650, Comalcalco, Tabasco, México

jhernandez-guzman@hotmail.com

El presente estudio de citogenética en tortugas dulceacuícolas de Tabasco, México es el primero en esta región. El número modal diploide caracterizado en las tortugas tropicales de Tabasco empleando el método citogenético convencional fue de $2n=56$ cromosomas ($2n=56+3$ microcromosomas B) y $n=28$ cromosomas en *Kinosternon leucostomum*; $2n=50$ cromosomas ($2n=50+2$ microcromosomas B) y $n=25$ cromosomas en *Trachemys scripta* y $2n=54$ cromosomas ($2n=54+2$ microcromosomas B) en *Staurotypus triporcatus*. La clasificación cromosómica en *K. leucostomum* de 12 cromosomas metacéntrico-submetacéntrico "msm"/"A" + 22 cromosomas subtelocéntrico-telocéntrico "stt"/"B" + 22 cromosomas telocéntricos "T"/"C", con número fundamental NF=90. En *T. scripta* es de 32 cromosomas metacéntrico-submetacéntrico "msm"/"A" + 10 cromosomas subtelocéntrico-telocéntrico "stt"/"B" + 8 cromosomas telocéntricos "T"/"C", con número fundamental NF=92 y en *S. triporcatus* 20 cromosomas metacéntrico-submetacéntrico "msm"/"A" + 34 cromosomas telocéntricos "T"/"C" con número fundamental NF=74. La variación en la clasificación cromosómica, el número fundamental y la presencia de cromosomas supernumerarios, son evidencia del citotipo cromosómico particular de las tortugas de Tabasco con otros organismos de diferente distribución geográfica. Además, el presente estudio descarta la presencia de cromosomas sexuales por falta de evidencia concluyente.

PARALOGÍA EN OXIDASAS DEPENDIENTES DE COBRE EN BACTERIAS

Brena-Becerril A¹, Vizcaíno Rodríguez LA¹, Vinuesa FP² y Valderrama Blanco MB^{3*}

¹Universidad Politécnica de la Zona Metropolitana de Guadalajara, Jal.

²Programa de Ecología Genómica, Centro de Ciencias Genómicas, UNAM. Cuernavaca, Mor., Mex.

³Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología, UNAM. Cuernavaca, Mor., Mex.

abrena2012upzmg@gmail.com

Las enzimas trinucleares dependientes de cobre en bacterias, a diferencia de las fúngicas, se han diversificado de manera notable. Mientras que en hongos su única función conocida es la de oxidasas, en bacterias cumplen, al menos, dos funciones diferentes: oxidasas, y secuestradoras de cobre. En las secuestradoras, existen dos familias diferentes involucradas en mecanismos de respuesta y protección frente a la acumulación de cobre. Para las oxidasas el panorama es aún más complejo: A pesar de la conservación de los residuos involucrados en la estructuración del sitio trinuclear, la similitud a nivel de secuencia llega a ser tan baja como 15%. Esta diversidad se ve reflejada en sus propiedades catalíticas, ya que las tres enzimas caracterizadas varían notablemente en el tipo de sustratos que utilizan, en sus constantes catalíticas así como en su función biológica. En trabajos de comparación de secuencias por alineamiento, una misma especie presentar más de dos variantes de la enzima. En este trabajo nos propusimos ubicar la paralogía de esta enzima en bacterias por análisis bioinformático encontrando a nivel de estructura primaria de dos a hasta cuatro secuencias parálogas especialmente en proteobacterias. Explicándolo desde dos puntos de vista complementarios: Con una visión, encontramos un caso de evolución divergente, en el cual la secuencia proteica, liberada de restricciones funcionales, llega a variar de tal manera que ya no es reconocible, generando nuevas funciones biológicas pero conserva siempre la geometría del sitio trinuclear. Desde una óptica biotecnológica, las oxidasas bacterianas superan ampliamente a las fúngicas, ya que presentan hábitat y nichos ecológicos más diversos y propiedades catalíticas variadas, como: termo tolerancia, utilización eficiente de sustratos no fenólicos, resistencia a álcalis y tolerancia a haluros. Y esto quizá sea la explicación de su diversidad aun en la misma especie.



Trabajos libres

Miércoles 2, octubre 2013

Sesión 2



MARCADORES BIOLÓGICOS Y FACTORES DE RIESGO DE TROMBOFILIA, EN PACIENTES ADULTOS MAYORES Y DONADORES SANOS MAYORES ≥ 50 AÑOS

Hernández-Zamora E^{1*}, Zavala-Hernández C², León-Hernández SR³, Rosales-Cruz E⁴ y Reyes-Maldonado E^{4*}

¹Servicio de Genética,

²Laboratorio Central de Patología Clínica y

³Unidad de apoyo a la Investigación, INR

⁴Laboratorio de Citología, Departamento de Morfología. ENCB, IPN. México, D.F.

edgarhz1969@yahoo.com.mx,
elbareyesm@gmail.com

En el envejecimiento, el desequilibrio entre la interacción de genes, ambiente y susceptibilidad individual, puede producir eventos trombóticos. La búsqueda de factores de riesgo (FR: hereditarios y adquiridos) y marcadores biológicos (MB) de trombofilia en adultos mayores (AM), es importante. Por lo cual el objetivo de este trabajo es determinar los MB para trombofilia y su asociación con FR, en AM y donadores sanos ≥ 50 años (DS). Se determinaron: factor de von Willebrand (FvW), homocisteína (Hcy), factores de coagulación (FC), proteínas antitrombóticas (PA: PS, PS y AT) y plasminógeno (Plg), perfil de lípidos (PL) y el grupo sanguíneo (GS). En resultados preliminares se observó: PL y Hcy (82 AM). 70 con hiperhomocisteinemia (HHcy) y 12 normales, 8.5% hipercolesterolemia y 30% hipertrigliceridemia. FC, PA y Plg (144 AM y 29 DS). Se encontró diferencia entre DS y AM al comparar HDL, VLDL, triglicéridos, FI, FVIII, FIX y FXI. Es importante establecer los valores de referencia (VR) para FI y FX por década y sexo, FVII y FXII por sexo. Para el FII, FV, FVIII, PC, PS y Plg por década; y para FIX, FXI y AT pueden utilizarse los VR obtenidos para AM mexicanos. La dislipidemia (Dlp) se asoció con $\uparrow$ FII. Insuficiencia venosa profunda con $\uparrow$ FII y $\downarrow$ FXII. La diabetes y Dlp con $\uparrow$ FXI. Diabetes con $\downarrow$ PC. La hipertensión arterial (HTA) y Dlp con $\downarrow$ AT y la osteoporosis con $\downarrow$ FXII. Hcy y FvW (149 AM). El $\uparrow$ Hcy se asoció con aumento de la edad; fue mayor en varones. Se asoció a la HHcy moderada con HTA, y al $\uparrow$ FvW con enfermedad vascular cerebral. El GS-O mostró $\downarrow$ FvW y la Hcy, están por encima de los VR para población general (PG). $\uparrow$ Hcy y $\uparrow$ FvW se asociaron con daño endotelial y avance de la edad. Los FC y PA varían con edad, sexo y presencia de enfermedades, y difieren de los VR en PG y de los propuestos comercialmente. Estos resultados permiten el diagnóstico temprano, prevenir y/o corregir alteraciones discapacitantes y ofrecer un tratamiento integral, que mejora la calidad de vida y contribuyen a desarrollar una cultura de respeto hacia los AM.

**DAÑOS GENÉTICOS Y ENDÓCRINOS EN OSTIONES (*Crassostrea corteziensis*)
CAUSADOS POR HIDROCARBUROS AROMÁTICOS POLICÍCLICOS Y SUS
RIESGOS A LA SALUD**

Galindo Reyes JG

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 presentes en casi todos los ecosistemas acuáticos; muchos de ellos son disruptores endócrinos y causantes alteraciones genéticas en los seres vivos. Estudios previos, reportan HAPs en el Estero de Urías, ubicado en la entrada del Golfo de California. El objetivo de este trabajo fue evaluar los niveles de HAPs, en el estero, sus efectos genéticos y endócrinos 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 daños genéticos (alteraciones gonádicas) y endócrinos, 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, las alteraciones gonádicas y su crecimiento, así como los HAPs acumulados en los ostiones (pulpa). Las hormonas y los HAPs en la pulpa, 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 en el de la gónada, desde 11.38% hasta 45.16% respecto del control. También, se presentaron decrementos en la concentración de hormonas; la Progesterona decreció desde 2.09 hasta 15.17 y el Estríol, 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 daño genético. 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.

EVALUACIÓN DE LA CITOTENOTOXICIDAD DE UNA CERVEZA ELABORADA INDUSTRIALMENTE Y OTRA ARTESANAL USANDO LA PRUEBA DE MICRONÚCLEOS EN *Vicia faba*

Rosas-Cipriano A¹, Flores-Maya S^{1*}, Barrera-Escorcia H¹, Gómez-Arroyo S² y Ruíz Cabrera A¹

¹Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, Av. De los Barrios, No. 1 Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, Estado de México, México, C.P. 54090. Laboratorio de Recursos Naturales, UBIPRO. Laboratorio de Microscopia. Laboratorio de Medicina

²Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM, Ciudad Universitaria, Coyoacán C.P. 04510, D.F., México, Laboratorio de Citogenética Ambiental

saulsel@unam.mx

La cerveza es una bebida compleja por la gran variedad de componentes disueltos en ella, estos componentes interactúan entre sí y pueden rápidamente modificarse desde el momento de estar en contacto con el ambiente. Mucho se ha dicho con respecto al impacto sobre la salud humana provocado por el consumo de la cerveza. Una ingesta excesiva de cerveza puede traer consecuencias a la salud humana y por el contrario la ingesta moderada de alcohol puede disminuir significativamente el daño al ADN. La importancia de las pruebas de corta duración para los carcinógenos y mutágenos (ensayo de micronúcleos) es factible de ser aplicado en el análisis de riesgos y control de calidad de las bebidas comerciales como la cerveza. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto genotóxico *in vivo* de dos tipos de cervezas por medio del ensayo de micronúcleos en *Vicia faba*. Se emplearon semillas de *Vicia faba* (var. *minor*) que fueron expuestas por 120 hs a los componentes químicos de una cerveza elaborada industrialmente y otra de manera artesanal. La cicloheximida (5 µg/ml), el etanol 3.6% (v/v) y 7.5 % (v/v) fueron utilizados como controles positivos. Se evaluó el efecto citogenotóxico de las cervezas en células meristemáticas de raíz. Los datos fueron analizados por medio de un análisis de varianza y una prueba de comparación múltiple (prueba de Dunnett) con un criterio de significación de $P < 0.05$. Los resultados permitieron establecer que los tratamientos para el índice mitótico en células meristemáticas tuvieron diferencias significativas comparadas con el control negativo, en cambio la frecuencia de micronúcleos no presentaron diferencias significativas. En conclusión: los componentes químicos de estas bebidas alcohólicas no provocan efectos genotóxicos pero si son ligeramente tóxicos ya que reducen o incrementan la división celular en células meristemáticas de *Vicia faba*.



Trabajos libres

Miércoles 2, octubre 2013

Sesión 3



ANÁLISIS DE ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO +148 C>T DEL GEN AXIN2 Y +294 T>C DEL GEN PPARD EN PACIENTES MEXICANOS CON CÁNCER COLORRECTAL

Rosales Reynoso MA*, Juárez Vázquez CI, Flores Martínez S y Sánchez Corona J

División de Medicina Molecular, Centro de Investigación Biomédica de Occidente, CIBO, IMSS. Guadalajara, Jalisco

mareynoso@hotmail.com

El cáncer colorrectal (CCR) se origina cuando las células normales de las paredes del colon o del recto empiezan a cambiar y proliferar sin control, formando una masa llamada tumor que puede ser benigno o maligno. Existen varios factores de riesgo como son los factores ambientales y genéticos. Entre los factores genéticos se encuentran mutaciones en genes supresores de tumor, genes encargados de la reparación del daño al ADN y oncogenes, así mismo se han visto involucrados genes de la vía de señalización Wnt- β -catenina. Entre los genes que intervienen en esta vía se encuentran AXIN2 y PPARD. Con lo que respecta a el polimorfismo +148 C>T no ha sido descrito su participación en pacientes Mexicanos con CCR, mientras que para el polimorfismo +294 C>T no se ha analizado en pacientes con algun tipo de cáncer. Por lo que es interesante conocer si en población Mexicana del Occidente de México se asocian los polimorfismos +148 C>T y +294C>T con el cáncer colorrectal. La genotipificación se realizó mediante PCR-RFLP en 134 muestras de ADN de individuos de población general de Jalisco (PGJ) y 92 muestras de ADN de pacientes con CCR. Se calculó el Equilibrio de Hardy-Weinberg (EHW) en la población general de Jalisco para los diferentes polimorfismos y se compararon las frecuencias alélicas y genotípicas mediante la prueba χ^2 con la utilización del programa estadístico SPSS. Se estimó el OR de los genotipos y alelos mediante el programa estadístico Epi Info v6. El análisis de asociación en los pacientes con CCR comparado con los individuos de población general de Jalisco para el polimorfismo +148 C>T no mostró ninguna diferencia estadísticamente significativa. Sin embargo el análisis de asociación para el polimorfismo +294C>T utilizando el modelo dominante en donde se agruparon los individuos con los genotipos CT y TT mostró un valor de OR de 3.54 con un IC al 95% de 1.76, 7.12, con un valor p de 0.0001, mientras que el OR donde se analizaron los alelos mostró un valor de 3.07 con un IC al 95% de 1.73, 5.48 con una p de 0.00005.

PARTICIPACIÓN DE LOS LPS DE *Rhizobium etli* CFN42 EN EL PROCESO DE INFECCIÓN DE LOS BACTERIOFAGOS 1, 10 Y 11

Brito Suastegui A¹, Rodríguez Sánchez C², Santamaría RI², Bustos Arcos P² y González Zúñiga VM²

¹Universidad Autónoma de Guerrero y Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

²Programa de Genómica Evolutiva

cesar@ccg.unam.mx

Recientemente, en el Programa de Genómica Evolutiva del CCG, UNAM, hemos determinado el rango de hospedero de diferentes fagos aislados de siete cepas secuenciadas de *R. etli*; de los cuáles los fagos 1, 10 y 11 infectan a la cepa CFN42. Un aspecto interesante a evaluar es cuál es o son los genes que determinan el proceso de infección de éstos fagos en la cepa de *R. etli* CFN42. Por lo cual iniciamos ésta investigación y; a través de los estudios preliminares en el laboratorio, pudimos determinar que en el plásmido "b" de la cepa de *R. etli* CFN42 se encuentran los genes involucrados en este proceso. Los genes LPS *B1* y *B2* fueron los genes candidatos a evaluar. Se utilizaron diferentes construcciones genéticas en el fondo genético de *R. etli* CFN42 para determinar la acción de los bacteriófagos y producir las placas líticas por los fagos 1, 10 y 11. Las cepas de *R. etli* se pusieron toda la noche a crecer y después con el cultivo se hizo una cama de las cepas bacterianas a utilizar y posteriormente se les puso una gota de 20 µl de los fagos a experimentar. Después de éstos ensayos, pudimos corroborar que para la infección del fago 10 la vía de los LPS no tiene ninguna participación para su infección en la cepa de *R. etli* CFN42; en cambio, los fagos 1 y 11, necesitan para el proceso de infección la presencia del LPS y en particular pudimos determinar que los LPS *B1* son las moléculas involucradas en el proceso de infección de los bacteriófagos 1 y 11. Seguimos, investigando en qué otras cepas de *R. etli*, tienen esta vía como mecanismo de infección de los bacteriófagos 1 y 11.

ALGUNOS COMPONENTES DE VALOR ADAPTATIVO EN POBLACIONES NATURALES DE *Drosophila pseudoobscura* ORIGINARIAS DE MÉXICO

Salceda VM y Arceo-Maldonado C

Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, km 36.5 Carretera México-Toluca S/N, La Marquesa, Ocoyoacac, Edo. de México C.P. 52750

victor.salceda@inin.gob.mx

La selección natural como regla general está dirigida a mantener o aumentar la adecuación darwiniana o adaptabilidad, la cual es función de los diferentes componentes de valor adaptativo (fitness), la respuesta a un determinado ambiente puede alcanzarse a través de la interacción de diferentes factores. El estudio de los componentes de valor adaptativo en poblaciones naturales y/o experimentales es pues importante. Interesados en este problema lo analizamos en algunas poblaciones de *Drosophila pseudoobscura*. Se obtuvieron muestras en 27 localidades a lo largo de la República y se dividieron para su análisis en cuatro transectos norte-sur y se llevaron al laboratorio, donde se estudiaron los siguientes componentes: fecundidad, medida como número total de descendientes en siete días de postura; número de descendientes por hembra por día; viabilidad huevo-adulto; proporción sexual, calculada de la siguiente forma: número de hembras entre el número de machos y multiplicado por 100; índice de apareamiento, que consiste en el número de apareamientos en 30 minutos de exposición; y número de inversiones encontradas por población. Los respectivos valores promedio para éstos fueron: 4117, 8.5, 24.4 %, 71.9 machos por cada 100 hembras, 59.9 % y 6.5 inversiones. Estos resultados provienen del número de hembras capturadas el cual vario de seis a 250 las cuales dejaron de 220 a 22798 descendientes; la viabilidad huevo-adulto tuvo una variación de 14.3 a 38.4 por ciento; la proporción sexual con una variación de 31.4 a 96.4; el aislamiento sexual del 38 al 76 por ciento y el número de inversiones presentes de cuatro a nueve. Todas las diferencias encontradas se consideran adaptaciones propias de cada población las que les permiten su permanencia en los diferentes hábitats.

Trabajos libres

Miércoles 2, octubre 2013

Sesión 4



CARACTERIZACIÓN CITOGENÉTICA DE PLANTAS DE PITAHAYA (*Hylocereus* ssp.) NATIVAS DEL ESTADO DE COLIMA

Michel-López CY¹, Mercado-Ruaro P², Peña-Beltrán E^{1*} y Michel-Rosales A¹

¹Laboratorio de Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Colima, Km. 40 Autopista Colima-Manzanillo, Tecmán, Colima 28100 Colima, México

²Departamento de Botánica, Instituto de Biología, UNAM, Ciudad Universitaria, México, D.F. 04510, México

elpidio3@hotmail.com

Los estudios citogenéticos permiten realizar valiosos aportes al conocimiento de los mecanismos de aislamiento reproductivo y los modos de especiación en las plantas. En los últimos veinte años este tipo de investigaciones se han concentrado principalmente en el análisis de la estructura y evolución del genoma de diferentes especies, facilitando el entendimiento de la organización y de la estructura del material genético, de ahí su importancia en los proyectos de mapeo genético que se realizan actualmente. Se ha señalado que la forma y tamaño de los cromosomas de las especies vegetales es de importancia funcional y adaptativa. No obstante lo anterior, para muchas especies se carece de información básica como lo es su número cromosómico. Por lo anterior, se evaluó la variabilidad citogenética en plantas nativas de *Hylocereus* ssp. (pitahaya). Se elaboraron y analizaron preparaciones citológicas de células mitóticas de *H. ocampensis* (Salm-Dyck) Britton & Rose de localidades del Estado de Colima. Las laminillas se prepararon mediante la técnica del aplastamiento del tejido en monocapa ("squash"), de meristemos radiculares previamente pretratados con solución mitostática de 8-hidroxiquinoleína 0.002M por 4 horas y teñidos con Feulgen. Las laminillas se hicieron permanentes con la técnica de nitrógeno líquido. Los mejores campos se fotografiaron en un microscopio óptico Carl Zeiss Axioscop (100X) usando película Kodak Technical Pan. El número cromosómico somático fue 22 ($2n=2x=22$) para todas las localidades analizadas. Con base en las mediciones y la clasificación de Levan, todos los cromosomas son del tipo metacéntrico, obteniéndose la fórmula cariotípica de 11m. Por otro lado, la longitud total haploide de los cromosomas fue de 19.56 μm , con un intervalo en la longitud cromosómica de 2.37 a 1.34 μm y un promedio de $1.77 \pm 0.07 \mu\text{m}$; la presencia exclusiva de cromosomas metacéntricos y el índice de simetría TF % de 43.81 en *H. ocampensis*, indican un cariotipo simétrico. El número cromosómico coincide con el propuesto como número básico de $X=11$ para la familia Cactaceae. Con base en los resultados, se plantea la necesidad de obtener información de otras especies del género y con dicha información, determinar la evolución cromosómica del grupo y las relaciones citogenéticas entre las especies.

**OBTENCIÓN DE EMBRIONES SOMÁTICOS A PARTIR DEVITRO PLÁNTULAS DE
Agave tequilana Weber var. Azul IRRADIADAS CON Co⁶⁰**

Ángeles-Espino A^{1*}, Valencia-Botín AJ², 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. Km 15.5 carretera Guadalajara-Nogales, Las Agujas, Zapopan, Jalisco

²Centro Universitario de la Ciénega. Universidad de Guadalajara. Av. Universidad 1115, Ocotlán, Jalisco, México. C.P. 47820

³Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. Ocoyoacac, Estado de México

alexange@prodigy.net.mx

En el cultivo del agave (*Agave tequilana* Weber var. Azul) en la zona de denominación de origen del tequila, los fitopatógenos ocasionan pérdidas en campo y se requiere inducir genotipos resistentes. El objetivo fue obtener embriones somáticos a partir de germoplasma irradiado. El callo embriogénico se indujo en explantes de hoja en medio (MS) adicionado con fitohormonas. Los embriones maduraron en el mismo medio modificado sin reguladores más 500 mg L⁻¹ de Caseína. Las dosis de Co⁶⁰ fueron: 0, 10, 20 y 30 Gy. Los resultados se analizaron por ANVA (p<1%), Tukey y regresión lineal. La inducción y maduración de embriones se observó en la tercera semana en el control, 10 y 20 Gy. El tratamiento de 20 Gy obtuvo buen desarrollo de callo pero no en el número de embriones, el control y 10 Gy fueron iguales. Es viable la obtención embriones somáticos a partir de vitroplántulas de *A. tequilana* sometidas a dosis de radiación menores o iguales a 20 Gy. En dosis mayores se inhibe la totipotencia celular.

MICRONÚCLEOS Y DAÑO NUCLEAR EN LINFÓCITOS DE ENFERMERAS EXPUESTAS A CITOSTÁTICOS

Briseño-Gómez CA¹, Alcántar-Zavala LA², Martínez-Campos H¹, Casillas-Pilgram JA¹, Ruiz-Paloalto ML³ y Roldán-Reyes E^{1*}

¹Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis, FES-Zaragoza, UNAM México, D.F.

²Estudiante de Doctorado en Ciencias de Enfermería, Universidad de Guanajuato

³Universidad de Guanajuato Campus Celaya-Salvatierra

eliar@unam.mx

Existen factores capaces de influir en la integridad cromosómica como el estilo de vida, los cambios climáticos, los tratamientos médicos y la ocupación laboral. Los citostáticos son un grupo amplio de fármacos utilizados en el tratamiento contra el cáncer, destacan aquellos capaces de interactuar con el ADN y/o sus precursores, los que inhiben su síntesis y causan daños irreparables en células malignas y sanas. El personal de enfermería está expuesto directa o indirectamente a los antineoplásicos por ingestión, inhalación y absorción cutánea por contacto directo con fomites contaminados, secreciones y excretas; considerados de riesgo. El ensayo *in vitro* de micronúcleos en linfocitos humanos con bloqueo de la citocinesis (MNBC), está considerado como un ensayo práctico, universalmente validado y accesible tecnológicamente, eficiente para evaluar daño al ADN e inestabilidad genética entre otros; inducidos por agentes químicos y físicos. Los micronúcleos (MN) son cuerpos citoplasmáticos de naturaleza nuclear, representan material genético no incorporado correctamente a las células hijas durante la división celular, reflejan aberraciones cromosómicas que se originan por roturas cromosómicas y/o cromosomas completos con el centrómero inactivo, y por errores durante la replicación del ADN y posterior división celular. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la presencia de micronúcleos (MN) en linfocitos humanos binucleados del personal de enfermería expuesto a citostáticos. El estudio es de tipo descriptivo, transversal y observacional, constituido por 10 enfermeras(os) hasta el momento. Se desarrolló el ensayo de MNBC. Se analizaron 1000 células binucleadas por individuo en microscopio con campo claro (40 y 100X), se registraron las frecuencias de MN, yemas nucleares (YN) y puentes nucleoplásmicos (PN) así como células mononucleadas y polinucleadas. Resultados: se observó daño nuclear diverso, donde las frecuencias de MN, YN y PN en células binucleadas resultaron significativas ($p < 0.0005$) en relación con el control negativo. Las alteraciones al material genético son evidentes no solo por la presencia de MN sino por una frecuencia mayor de YN y PN en relación con el control, lo que significaría daño nuclear heterogéneo provocado por los agentes quimioterapéuticos. **Financiamiento:** Universidad de Guanajuato Campus Celaya-Salvatierra; UNAM -PAPIIT IN213013-3.



Carteles

Sesión 1

Miércoles 2, octubre 2013



ESTUDIO CARIOTÍPICO EN ANFIBIOS Y SU RELACIÓN CON AMBIENTES CONTAMINADOS DE TABASCO

Hernández-Guzmán J*^{1,2} y Arias-Rodríguez L¹

¹División Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, C.P. 86150, Villahermosa, Tabasco, México

²Instituto Tecnológico Superior de Comalcalco. Km 2.0 carretera vecinal Comalcalco-Paraíso, Ra. Occidente 3ra. Sección. C.P. 86650, Comalcalco, Tabasco, México

jhernandez-guzman@hotmail.com

Las actividades antropogénicas e industriales en el sureste de México, han venido creciendo junto con la reducción y fragmentación de los hábitats y refugios naturales de las especies nativas, entre ellas las de anfibios. Ha sido bien documentada, la existencia en nuestro país de una amplia biodiversidad de anfibios. Sin embargo, poco ha sido el interés por el conocimiento de varios aspectos sobre la biología y genética básica de tal grupo taxonómico. De los estudios necesarios para la comprensión de la biología de las especies, destacan los de citogenética que permiten describir el número de cromosomas y la de identificar citotipos especiales como cromosomas sexuales y microcromosomas “B”; para establecer recomendaciones con fines de conservación y de apoyo a la taxonomía convencional. En este estudio, se emplearon las herramientas de citogenética clásica para esclarecer el cariotipo típico de cuatro especies de anuros de Tabasco. El cariotipo de *Dendropsophus microcephalus* mostró $2n=30$ ($1n=15$) cromosomas de tipo subtelocéntrico-telocéntrico, el de *Scinax staufferi* $2n=24$ ($1n=12$) cromosomas metacéntricos-submetacéntricos, *Smilisca baudinii* con $1n=12$ cromosomas metacéntricos-submetacéntricos, *Incilius valliceps* con $2n=22$ cromosomas, siendo 12 metacéntricos-submetacéntricos + 10 telocéntricos y *Rhinella marina* con $2n=22$ ($1n=11$) cromosomas de tipo variable desde metacéntricos-submetacéntricos hasta telocéntricos con presencia de triploidía $3n=33$ cromosomas. La información citogenética descrita es un aporte adicional a las fichas biológicas en cada una de las especies. Por otro lado, las variaciones cariotípicas observadas sugieren probables mecanismos de diversificación por hibridación natural o por factores ambientales. No fue posible identificar presencia de cromosomas sexuales en las cuatro especies, lo que hace suponer que el mecanismo de determinación sexual se basa en genes fijados a cromosomas somáticos, mientras que en *I. valliceps*, se observó la presencia de cromosomas sexuales.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR POR PFGE DE CEPAS DE *Salmonella typhimurium* AISLADAS DE CANALES Y CARNE MOLIDA DE BOVINO PROVENIENTES DEL ESTADO DE JALISCO

Barba León J*, Rodríguez Zapata AL, Ávila Rosales AA, Medina Lerena MS, Camacho Márquez MA, Rodríguez Guzmán A, González Aguilar DG, Perez Montaña JA y Cabrera Díaz

E

Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias CUCBA. Camino Ramón Padilla Sánchez #2100 Nextipac, Zapopan, Jalisco. Tel. 3777 1150 ext. 33042

jeannbarba@gmail.com

Salmonella enterica serovar Typhimurium ha obtenido a través de los años, elementos génicos que vuelven distinguibles a los aislados bacterianos pertenecientes al mismo serotipo. Además han adquirido genes que las vuelven resistentes a los antibióticos, lo que en la actualidad representa un problema de salud, ya que este tipo de microorganismos pueden llegar al ser humano a través de distintas fuentes como los alimentos. Esta investigación comparó la relación genética existente entre 24 aislados de *S. typhimurium*, obtenidas a partir de canales provenientes de los rastros de Ocotlán y Tepatitlán; y de carne molida proveniente de los municipios de Guadalajara, Tlaquepaque y Zapopan, Jalisco. Para ello se utilizó la técnica de PFGE establecida por el PulseNet-USA-CDC; los perfiles genéticos resultantes se utilizaron para construir una matriz empleada en la generación de un dendograma de la relación filogenética mediante el empleo de los paquetes computacionales tree view y free tree. Los perfiles de resistencia se obtuvieron por la técnica de Kirby-Bauer lo que permitió conocer si había un patrón de resistencia conservado entre los distintos aislamientos. El análisis del dendograma mostró la existencia de 5 grupos, de los cuales uno de ellos resultó el más numeroso con 16 aislados provenientes de los rastros de Tepatitlán y Ocotlán. Asimismo, hubo dos grupos que agrupaban a 3 cepas, cada uno de ellos, aisladas de carnicerías de Zapopan. Finalmente los grupos menos numerosos sólo contenían una cepa cada uno, aisladas de carnicerías de Tlaquepaque y Guadalajara, respectivamente. Además se encontró, entre el grupo de 16 aislados, una resistencia conservada a Gentamicina-Tetraciclina (Tet)-Trimetropima/Sulfametoxazol (SXT)-Cloranfenicol (Chl)-Estreptomicina (Str) y entre los grupos de los aislados de carnicerías de Zapopan se observó una resistencia conservada a Tet-SXT-Chl-Str-Nalidíxico. En conclusión este trabajo mostró que existe una relación genética estrecha entre los aislados provenientes de los rastros, no siendo así cuando se compara con los provenientes de las carnicerías, lo que sugiere que los aislados de *S. typhimurium* de la carne de las carnicerías se adquieren después de la obtención de la canal. Adicionalmente la resistencia conservada entre los aislamientos de ambas fuentes sugiere que ésta se adquiere antes del sacrificio del animal.

PARTICIPACIÓN DE LA ENZIMA MGMT EN LA FORMACIÓN DE ADUCTOS EN DNA DE FUMADORES POR COMPUESTOS PRESENTES EN EL TABACO Y EN LOS CONTAMINANTES AÉREOS DE LA CIUDAD DE MÉXICO

Martínez-Ramírez OC¹, Pérez-Morales R², Gonsebatt ME¹ y Rubio J^{1*}

¹Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Apartado Postal 70228, C.P. 04510, México D.F., México

²Departamento de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, C.P. 35010, Durango, México

juruli@unam.mx

La enzima MGMT repara la lesión producida por un grupo alquilo que se introduce en el oxígeno que está en la posición 6 de la guanina. Existen variantes alélicas del gen que codifica para esta enzima que puede afectar de manera importante la susceptibilidad a enfermedades como el cáncer de pulmón. Por lo que es de suma importancia determinar si el polimorfismo MGMT L84F tiene alguna relación con niveles elevados de un biomarcador de riesgo ("bulky aductos"), en un estudio epidemiológico de casos y controles. Los casos están constituidos por fumadores y no fumadores con cáncer de pulmón primario y los controles por no fumadores y fumadores sin diagnóstico de cáncer primario de pulmón. Con el fin de calcular un tamaño de muestra estadísticamente adecuado para el estudio de casos y controles primero determinamos las frecuencias alélicas y genotípicas del polimorfismo de MGMT L84F (rs 12917) en 382 individuos mestizo mexicanos (padres y abuelos mexicanos) y las frecuencias alélicas obtenidas son las siguientes: Homocigo silvestre (53.7%), Heterocigo (32.7%) y Homocigo mutante (13.6%); las frecuencias genotípicas encontradas fueron: alelo p=0.7 y alelo q=0.3. Por otro lado realizamos un primer estudio para determinar si existe alguna relación entre el polimorfismo MGMT L84F y la formación de aductos, esta determinación la realizamos mediante la técnica de postmarcaje con Fosforo 32 y obtuvimos mayores niveles de "bulky aductos" en las muestras de DNA que presentaban el polimorfismo MGMT L84F. Para el estudio de casos y controles las muestras sanguíneas recolectadas hasta el momento se procesaron para extraer el DNA y se determinó la pureza e integridad de cada una de las muestras. De acuerdo a estos resultados existe una posible relación entre el polimorfismo MGMT L84F y la susceptibilidad de padecer cáncer de pulmón.

DISEÑO DE SONDAS DEL GEN BRCA1 Y BRCA2, PARA LA CONSTRUCCIÓN DE UN GENOSENSOR PARA SER APLICADO EN LA DETECCIÓN DE CÁNCER DE MAMA

Alarcón-Angeles G^{1*}, Chávez-Sandoval BE^{2**}, Franco-Montoya AI¹, Guevara-Castro AL¹, Castañeda-Briones MT², García-Franco F² y Gómez M¹

¹Universidad Autónoma Metropolitana-Xochimilco, Departamento de Sistemas Biológicos
04960, México, D.F., México

²Universidad Autónoma Metropolitana-Azcapotzalco, Departamento de Ciencias Básicas,
02200, México, D.F., México

galarcon@correo.xoc.uam.mx
blanchavez29@gmail.com

El cáncer de mama es de los más comunes en todo el mundo, y está aumentando especialmente en los países en desarrollo, donde la mayoría de los casos se diagnostican en fases avanzadas. Representa aproximadamente el 16% de los casos de cánceres femeninos y es hereditario afectando incluso varones. Existen cientos de mutaciones en los genes BRCA1, BRCA2 y p53 asociadas a la generación de cáncer de mama y de ovario, además cada una de éstas mutaciones es particular del tipo de persona (etnia, alimentación, nivel socioeconómico, entre otras). Las tasas de supervivencia del cáncer mamario varían en todo el mundo, desde el 80% o más en América del Norte, Suecia y Japón, del 60% en los países de ingresos medios, hasta menos del 40% en los países de ingresos bajos, lo que se explica por la falta de programas de detección precoz. Por ello, el desarrollo de biosensores basados en DNA, son una alternativa ideal ya que el genosensor propuesto sería una herramienta excelente para el diagnóstico temprano y si se produce a gran escala puede llegar a ser de bajo costo. Diseñar una sonda adecuada es de los factores más importantes, por la variabilidad y porque contar con una sonda específica que permita analizar la organización de los genes, permitirá también analizar el impacto en la actividad transcripcional y podría ser incluso útil en la investigación del proceso de transformación neoplásica. En este trabajo realizamos el diseño de sondas de DNA del gen BRCA1 y BRCA2, utilizando el programa Primer-Blast, estas sondas serán utilizadas en la construcción de un genosensor nanoestructurado para la detección de cáncer de mama.

USO DE ESPACIADORES TRANSCRITOS INTERNOS DEL ARNr EN LA CARACTERIZACIÓN DE MACROMICETOS DEL MUNICIPIO DE VILLA DEL CARBÓN, MÉXICO

Contreras JA, Campos JE, Morales GM, Monsalvo RA, Canales MM y Martínez GM*

Laboratorio de Bioquímica Molecular, UBIPRO, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México. Av. De los Barrios No. 1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Edo. de México, C.P. 54090

marmartinezgar@hotmail.com

El Municipio de Villa del Carbón situado al noreste de la Ciudad de México, presenta una superficie donde el 43.53 % corresponde a zonas boscosas de vegetación dominada por *Abies*, *Pinus* y *Quercus*, características ambientales que propician la proliferación de la flora micológica en temporada de lluvias. Los hongos son un recurso de importancia ecológica, social y económica, ya que han sido utilizados desde tiempos ancestrales en la medicina tradicional. En Villa del Carbón se tiene una arraigada tradición por el consumo de hongos silvestres, sin embargo, la carente información de especies utilizadas en la medicina tradicional, sugiere que los usos y propiedades de algunos organismos no han sido estudiados a fondo. En el presente estudio se realizó la caracterización morfológica y molecular de hongos utilizados en la medicina tradicional por los vendedores locales del Municipio de Villa del Carbón. Durante la temporada de lluvias del 2011, el material biológico se colectó en tres ocasiones por muestreo dirigido. Se aplicaron 29 entrevistas semiestructuradas, en las que 18 informantes reconocieron al género *Stereum* como “hongo de palo”, utilizado en la región para detener hemorragias nasales, mientras que en otras comunidades se usa para mitigar el dolor de cabeza y estómago. Se caracterizaron morfológicamente 31 especies mediante el uso de claves taxonómicas; 29 Basidiomicetos pertenecientes a 4 órdenes, en donde los Agaricales están representados con 9 familias, mientras que los Russulales, Boletales y Stereales, solo con una familia, además fue identificado un Ascomiceto perteneciente al orden de los Pezizales. Se extrajo el ADN genómico de los organismos y mediante la PCR se amplificó la región ITS del ARNr de los mismos, utilizando los primers ITS5 e ITS4; con las secuencias obtenidas se caracterizó molecularmente a 27 especies que corresponden hasta nivel de género con la clasificación morfológica. La secuencia obtenida del hongo identificado morfológicamente como *Stereum* sp., presentó identidad máxima del 94% según el NCB1, con la secuencia de *S. hirsutum* (FJ810144). Para conocer su composición química parcial, se realizó un extracto metanólico de *S. hirsutum*, mediante HPLC y espectrometría de gases, se detectaron entre otros compuestos el Stereumin O y Stereumin P, pertenecientes al grupo de los sesquiterpenos.

LA EXPOSICIÓN A PERMETRINA Y MALATIÓN INDUCE ALTERACIONES EN EL GEN *MLL*, ASOCIADO A LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA

Navarrete-Meneses MP¹, Betancourt-Rule M², Bonilla E², Altamirano M³, Reyes A¹, Salas C¹ y Pérez-Vera SP^{1*}

¹Laboratorio de Cultivo de Tejidos, Departamento de Investigación en Genética Humana, Instituto Nacional de Pediatría. Insurgentes Sur 3700 C, Insurgentes Cui Cuilco, Coyoacán, 04530. México, D.F.

²UAM-Iztapalapa, Av. San Rafael Atlixco 186, Vicentina, 09340, México, D.F.

³FES-Zaragoza, Av. Guelatao 66, Ejército de Oriente, Iztapalapa, 09230 Ciudad de México D.F.

peachnavarrete@hotmail.com

La leucemia linfoblástica aguda (LLA) es el cáncer infantil más común y es una enfermedad de etiología multifactorial. Se caracteriza por la presencia de alteraciones cromosómicas específicas, consideradas eventos iniciadores de la leucemia. Las translocaciones que involucran al gen *MLL* se detectan en el 80% de los pacientes menores a un año; se ha propuesto que estas alteraciones surgen *in utero* y pueden estar asociadas a la exposición a agentes como los insecticidas. El efecto genotóxico de los insecticidas ha sido ampliamente estudiado, y a nivel epidemiológico se ha demostrado una fuerte asociación entre el desarrollo de LLA y la exposición a estos agentes; sin embargo, la evidencia biológica que muestra su capacidad de inducir alteraciones relacionadas a leucemia es escasa. El objetivo de este estudio fue detectar si la exposición de linfocitos *in vitro* a los insecticidas permetrina y malatión induce alteraciones en el gen *MLL*. A partir de muestras de sangre de 2 voluntarios sanos, se cultivaron linfocitos aislados durante 72 hrs. Los cultivos fueron expuestos a 200 μ M de permetrina y de malatión durante las últimas 24 hrs. Se utilizaron los disolventes correspondientes (DMSO, etanol) como controles negativos. El gen *MLL* se analizó por medio de FISH utilizando una sonda de ruptura de doble color. Las comparaciones estadísticas se hicieron con U Mann-Whitney. Se observó que la complejidad y la heterogeneidad de daño incrementaron por la exposición a ambos insecticidas. El número de células anormales fue mayor en los cultivos tratados con insecticidas en comparación con los controles, este incremento fue significativo en los ensayos con permetrina ($p < 0.05$). Este agente indujo aberraciones numéricas de manera significativa; además incrementó la diversidad de aberraciones estructurales ($p < 0.05$). El potencial aneuploidógeno de la permetrina observado en este estudio, no ha sido reportado previamente. Además se observó que incrementa la diversidad y complejidad de aberraciones estructurales, de forma similar a lo referido en células expuestas a agentes leucemógenos como el etopósido. Las alteraciones asociadas a LLA inducidas por la exposición a insecticidas, podrían representar el paso inicial en el desarrollo de esta enfermedad. El mecanismo por el que se generan estas aberraciones aún debe determinarse.

ELABORACIÓN DE UN CARTUCHO PARA LA INTERRUPCIÓN DEL GEN *fur* DE *Gallibacterium anatis* 12656-12

Maldonado-Puga S^{1*}, Sánchez-Alonso P¹, Negrete-Abascal E² y Vázquez-Cruz C¹

¹Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas. Edificio 103 J 24 Sur y Av. San Claudio. Ciudad Universitaria, C.P.. 72570. Puebla, Puebla

²Carrera de Biología. Facultad de Estudios Superiores Iztacala. UNAM. Av. de los Barrios No. 1. Los Reyes Iztacala, 54090 Edo. de México

samantham_p@hotmail.com

Gallibacterium anatis es una gammaproteobacteria perteneciente a la familia *Pasteurellaceae*, en esta especie se distinguen dos biovars: hemolítico y anatis (no hemolítico). Aunque es considerada como flora normal en aves, esta bacteria se ha aislado en aves con salpingitis, afecciones del tracto respiratorio y sepsis, entre otras, disminuyendo la producción de huevo; provocando pérdidas económicas a la industria avícola. En esta bacteria se han descrito algunos factores de virulencia, como la cápsula, fimbrias y la capacidad de formar biofilm en superficies inertes, hemaglutininas, una hemolisina, y una proteasa que degrada IgG de pollo. Sin embargo, se desconocen los mecanismos de regulación molecular de estos factores de virulencia y las condiciones que determinan su expresión *in vivo* durante la infección. La proteína Fur (ferric uptake regulator), es un regulador transcripcional, que en condiciones de suficiencia de hierro reprime los genes que permiten la captación de hierro y de algunos genes del metabolismo y virulencia; en tanto que permite su expresión en estado de estrés nutricional, como ocurre durante el proceso infeccioso. A partir de la secuencia del gen putativo que codifica para la proteína Fur, anotada en el genoma de *G. anatis* UMN-179 (GenBank), se diseñaron primers para amplificar un fragmento de DNA de 2200 pb, que incluye el gen *fur* putativo y secuencias flanqueantes. El producto de amplificación obtenido a partir del DNA de la cepa hemolítica *G. anatis* 12656-12, se clonó en el vector pBluescript KS-, con el propósito de interrumpir el gen *fur in vitro* y posteriormente transformar *G. anatis* 12656-12. La interrupción del gen *fur* se hizo por medio de una PCR inversa con DNA polimerasa Pfx, a éste producto de PCR se le ligó un casete que confiere resistencia a estreptomycin, y el producto de ésta ligación se usó para transformar a *E. coli* DH5 α . La interrupción del gen *fur* se confirmó por digestión enzimática y amplificación por PCR de los plásmidos obtenidos. Esta construcción se usará para generar un mutante del gen *fur* por reemplazo alélico en *Gallibacterium anatis* 12656-12, e identificar posibles proteínas reguladas por Fur. **Proyecto apoyado por PAPIIT IN222313 y PAPCA FESI-UNAM. NO. DE BECARIO CONACYT 261205**

POLIMORFISMO RS35204829 DEL GEN NR4A2 EN POBLACIÓN MEXICANA CON ENFERMEDAD DE PARKINSON

Ruiz Sánchez E¹, Alonso Vilatela E², Rodríguez Violante M³, Yescas Gómez P², Cervantes Arriega A³, Montes P¹, Díaz López J¹ y Rojas Castañeda P^{1*}

¹Laboratorio de Neurotoxicología,

²Departamento de Genética,

³Laboratorio Clínico de Enfermedades Neurodegenerativas, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, Manuel Velasco Suarez. Av. Insurgentes Sur No. 3877, Col. La Fama, Del. Tlalpan, D.F. C.P.. 14269

prcastane@hotmail.com

Las neuronas dopaminérgicas del mesencéfalo son la principal fuente de dopamina en el sistema nervioso central en mamíferos. Su pérdida, está asociada la enfermedad de Parkinson (EP). Esta enfermedad es resultado de una interacción entre los genes y el ambiente. Así, los estudios de las variaciones genéticas que influyen en la función de la dopamina son importantes para entender e identificar marcadores de susceptibilidad que participan en el desarrollo esta enfermedad. Dentro de estos estudios cabe destacar la participación del gen *NR4A2*, que codifica al miembro de la superfamilia de receptores nucleares huérfanos. El polimorfismo rs35204829, ubicado en la región intrónica de *NR4A2*, ha sido identificado con una asociación positiva para a la EP en algunas poblaciones (asiática y anglosajona). Sin embargo en nuestra población no se han realizado estudios para identificar la frecuencia de este polimorfismo y su posible asociación con la EP. El objetivo de este estudio fue identificar las frecuencias genotípicas y alélicas del polimorfismo rs35204829 del gen *NR4A2* en pacientes y controles. Para este fin se analizaron muestras de 250 pacientes con EP y 300 controles. Se realizó la genotipificación mediante análisis de curvas de disociación de alta resolución (HRM) y secuenciación por método de Sanger. Se obtuvieron frecuencias genotípicas y alélicas del polimorfismo rs35204829. Los grupos de pacientes y controles se encuentran en equilibrio de Hardy-Weinberg y no hay diferencias entre ambos grupos. Este estudio permitió conocer la distribución del polimorfismo rs35204829 en nuestra población, contribuyendo así a la identificación de las frecuencias de polimorfismos en población mexicana. No se identificó una asociación positiva para el polimorfismo rs35204829 con la EP, sugiriendo que esta variante genética no es informativa y no participa en la patogénesis de la enfermedad en nuestra población. **Aprobado parcialmente por CONACyT FONSEC/SSA/IMSS/ISSSTE No. 162087.**

GENERACIÓN DE UN MARCADOR MOLECULAR TIPO PCR-RFLP PARA HONGOS ECTOMICORRIZÓGENOS *Suillus brevipes* E *Inocybe dulcamara*

Meza-Meneses Y^{1,2}, Galindo-Flores G¹, Quiroz A^{1,2}, Martínez y Pérez JL¹, Estrada-Torres A¹, Alarcón A³ y Montiel-González AM^{1*}

¹Laboratorio de Biología Molecular, Centro de Investigación en Ciencias Biológicas y Postgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km 10.5 Aut. San Martín Texmelucan-Tlaxcala, San Felipe Ixtacuixtla 90120, Tlaxcala

²Maestría en Ciencias Biológicas, UATx

³Postgrado en Edafología, Colegio de Postgraduados Campus Montecillo, Estado de México

amonicamg@yahoo.com

Los hongos ectomicorrizógenos tienen gran importancia forestal debido a su potencial para producir plantas útiles en la recuperación de suelos. No obstante, no se puede asumir el éxito de su establecimiento por la posibilidad de desplazamiento por otros hongos presentes en el suelo y la dificultad para identificarlos sólo por medio de la morfología de la ectomicorriza, por lo que es necesario monitorear con otros medios a las especies introducidas. Una alternativa es a través de marcadores moleculares como los PCR-RFLP, que permiten la generación de huellas génicas. En este trabajo se generaron marcadores de este tipo para la identificación a nivel específico de *Suillus brevipes* e *Inocybe dulcamara*. A ejemplares del Herbario TLXM (CICB, UAT), se les extrajo el ADN, del cual se amplificó la región ITS del rDNA usando los primers ITS1F e ITS4. Los amplicones se secuenciaron y las secuencias fueron comparadas en la base de datos de NCBI mediante BLAST. Los RFLP se generaron mediante la digestión de los fragmentos ITS con las enzimas de restricción *AluI*, *HinfI*, *BsuRI* y *EcoRI*. Los amplicones y RFLP se verificaron con electroforesis en geles de agarosa al 1.5% y 2% respectivamente. Se obtuvieron 2 amplicones para *Suillus brevipes* con pesos moleculares de 700 (amplicón 1) y 600 pb (amplicón 2), presentando un 94% de similitud con *S. brevipes*. Los RFLP para el amplicón 1 presentaron bandas ancha de 400 pb con, 390 y 290 pb con *HinfI*, 400 y 300 pb con *BsuRI*. El amplicón 2 generó bandas de 430 y 220 pb con *AluI*, 490 y 300 pb con *HinfI*, y 400 pb con *BsuRI*. El amplicón de *Inocybe dulcamara* tuvo 850 pb, con 92% de similitud para esa especie. Los RFLP mostraron bandas de 380, 270 y 200 pb con *AluI*, 650 y 130 pb con *BsuRI*, 460 y 390 pb con *EcoRI*. Otras especies de estos géneros se utilizaron como controles de comparación, presentando patrones de RFLP distintos, por tanto los marcadores generados, en conjunto con los resultados del BLAST, indican que son adecuados para definir a nivel específico a los HEM de este estudio.

EVALUACIÓN *IN VITRO* DE LA BIOCOMPATIBILIDAD DE COLÁGENO TIPO 1 LÍQUIDO PROVENIENTE DE TENDÓN DE BOVINO EN LA LÍNEA CELULAR L929

¹Guzmán AL, ²Del Prado ML, ¹Dávalos KV, ¹Aguilar MA y ²Piña C

¹Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa.

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.

lauris_26san@hotmail.com

El colágeno tipo I es el más abundante en el organismo y sus principales funciones son brindar soporte y resistencia celular. Es utilizado como biomaterial con aplicaciones clínicas y cosméticas. En nuestro país, éste y prácticamente todos los biomateriales disponibles son importados, por lo que su costo es elevado. En respuesta a esto el Instituto de investigaciones en Materiales de la UNAM ha logrado obtener colágeno tipo I líquido a partir de tendón de bovino. Con el fin de determinar si este material es biocompatible se evaluó *in vitro* su citotoxicidad mediante los ensayos de MTT y rojo neutro. También se determinó la genotoxicidad de ese material con el ensayo cometa. Como modelo experimental se emplearon cultivos de células L929 en placas con pozos. Se formaron dos lotes de dos pozos cada uno: un testigo y un experimental, cada uno con dos réplicas. Los pozos experimentales se expusieron a 100 µl colágeno durante 24 horas. Para las pruebas de viabilidad, las células fueron expuestas a 50 µl de MTT y 150 µl de rojo neutro, respectivamente. Se incubaron durante dos horas a 37°C y la absorbancia fue medida en una longitud de onda de 595 nm para el MTT, y de 492 nm para el rojo neutro. Para el ensayo cometa los cultivos fueron expuestos al colágeno de la manera anteriormente descrita, después se llevó a cabo la electroforesis unicelular, se analizaron 150 células por lote por réplica. Se repitió el experimento tres veces de manera independiente. El parámetro utilizado para evaluar el daño al DNA fue la longitud de la migración del ADN. Los resultados de las pruebas de viabilidad indican que la actividad mitocondrial en ambos lotes es muy similar mientras que la de los lisosomas en el lote testigo difiere significativamente de la del experimental (K-W, $p > 0.05$). En cuanto al ensayo cometa los resultados obtenidos hasta el momento, no muestran evidencia de que el colágeno sea genotóxico.

ESTUDIO CROMOSÓMICO Y CONTENIDO DE ADN EN *Agave angustifolia* Y SUS VARIETADES CIMARRÓN Y LINEÑO DE JALISCO

Martínez J y Palomino G*

Laboratorio de Citogenética, Jardín Botánico, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. 3er. Circuito Exterior, Ciudad Universitaria 04510, México. D.F.

mramon@ib.unam.mx

El género *Agave* (Agavaceae), está conformado aproximadamente por 200 especies y constituyen un recurso genético muy importante para la obtención de la bebida alcohólica conocida como mezcal. En México se conocen 22 especies mezcaleras de *Agave*, de ellas *A. angustifolia* y sus variedades son empleadas en su elaboración. El presente trabajo informa del tamaño del genoma por citometría de flujo y la morfología cromosómica en 1 población de *A. angustifolia* y de *A. angustifolia* variedad Cimarrón y variedad Lineño. El contenido de ADN se obtuvo en un citómetro de flujo y los núcleos del parénquima de las plantas se tiñeron con yoduro de propidio. El análisis cariotípico se realizó en raíces tratadas con 8-hidroxiquinoleína, se tiñeron con Feulgen y se clasificaron de acuerdo a la metodología propuesta por Levan *et al.*, 1964. Los valores 2C de ADN, fueron de 7.986 pg, para la especie *Agave angustifolia*, de 8.207 pg para la variedad Cimarrón y de 8.185 pg para la variedad Lineño. En *Agave angustifolia* y las 2 variedades se observaron los números cromosómicos diploides con $2n=2x=60$ y $x=30$. El análisis cromosómico permitió definir 3 citotipos estructurales diferentes que variaron en la morfología cromosómica de las plantas estudiadas. *A. angustifolia* con un citotipo de $42m+2sm+8st+8t$, la variedad Cimarrón presentó un citotipo de $42m+4sm+6st+8t$ y la variedad Lineño con $48m+2sm+2st+8t$. Estas investigaciones permitieron corroborar el número cromosómico básico $x=30$, congruente con el ya propuesto para otras especies diploides y poliploides de *Agave*. El estudio de los parámetros cromosómicos obtenidos nos permite definir la presencia de citotipos estructurales en la especie y las dos variedades. Los cambios en la morfología cromosómica observados en *A. angustifolia* y sus 2 variedades son debidos a mutaciones heterocigóticas espontáneas como translocaciones, deficiencias y deleciones que son la causa en la formación de citotipos estructurales en las variedades de *A. angustifolia*.

LA EPIGENÉTICA DESDE LA PERSPECTIVA EVOLUTIVA Y LA RAZÓN A LAMARCK

Alvarez-Valenzuela R

División de Posgrado. Centro de Innovación y Desarrollo Educativo-Centro de Estudios “Justo Sierra”, CIDE-CEJUS. Surutato, Sinaloa, México. Preparatoria Guasave “Diurna”. Universidad Autónoma de Sinaloa

ramal58@uas.edu.mx

El establecimiento de la teoría de Lamarck para explicar la evolución de las especies, marcó la pauta para explicar dichos fenómenos biológicos. El planteamiento lamarckiano incluye factores ambientales que hacen posible el proceso evolutivo, tales como el calor, la humedad, la temperatura, los nutrimentos que afectan a los seres vivos y que son heredados de una generación a otra, produciendo a la larga la transformación de las especies y una tendencia a la complejidad. Darwin, por su parte, propuso la explicación causal de evolución por variación y selección natural la cual predice que los organismos podrían adquirir características que les permitirían sobrevivir a los cambios ambientales en su lucha por la existencia en el medio donde viven, sin explicar dichos cambios. La genética postdarwiniana del siglo XX explica que la herencia se realiza mediante la transmisión de genes que pueden sufrir variaciones llamadas mutaciones con efectos en los individuos y poblaciones y por consecuencia en la evolución. Actualmente, el descubrimiento de mecanismos epigenéticos rompe el paradigma tradicional de las mutaciones genéticas en las que están involucradas diferencias en la composición química de los genes, y coincide con lo planteado por Lamarck. Esta nueva visión de la biología evolutiva denominada epigenética, explica que la herencia involucra cambios en la molécula del ADN sin alterar su secuencia genética, incluyendo la relación medio ambiente-genes. Estos mecanismos epigenéticos incluyen metilación del ADN, modificación de histonas, etc. y pueden actuar en el “encendido” o “apagado” de ciertos genes modificando su expresión fenotípica, sin modificar el genotipo, los cuales además de heredables son reversibles. Así, los organismos tienen respuestas ecológicas de corto plazo con respuestas evolutivas de largo plazo. La epigenética no rechaza o niega la teoría de la evolución de Darwin, sino que adiciona información para comprender la evolución de los seres vivos. Así el paradigma Darwiniano “el fenotipo está determinado por el genotipo” ha sido reemplazado por la idea Lamarckiana “genotipo más ambiente” o epigenética. Por lo tanto, es necesaria una reconstrucción de los conceptos en biología evolutiva para comprender el rol de la epigenética como un mecanismo nuevo para explicar el proceso evolutivo.

EXPRESIÓN TRANSITORIA DE HEMAGLUTININA DEL VIRUS DE INFLUENZA A/H1N1 EN *Dunaliella salina*

Méndez-Leyva AB, Medina G, Sánchez-Quiñones AL y Stephano-Hornedo JL*

Laboratorio Dra. Meredith Gould, Facultad de Ciencias. Universidad Autónoma de Baja California. Km. 103 Carretera Tijuana – Ensenada. Ensenada, Baja California C.P. 22860

stephano@uabc.edu.mx

Los virus de influenza son un problema latente de salud mundial. La producción de vacunas contra influenza A/H1N1 es limitada en términos de tiempo, costo y abastecimiento a la población. La microalga *Dunaliella salina* es un sistema alternativo para la producción de proteínas de aplicación diversa, incluyendo vacunas. El objetivo del presente estudio es probar si es posible utilizar *D. salina* como plataforma de expresión de hemaglutinina para el desarrollo de una vacuna oral segura, económica y de rápida producción a gran escala. El gen de hemaglutinina del virus de influenza A/H1N1/2009 fue optimizado para su expresión en núcleo e integrado al vector pCAMBIA 1302. *D. salina* fue transformada con el vector pCAMBIA-HA mediante *Agrobacterium tumefaciens* y biobalística. Las clonas transformantes fueron seleccionadas con base en su resistencia a higromicina B y cultivadas para la extracción de DNA genómico y proteína total. La transformación fue verificada por PCR y la expresión de hemaglutinina fue analizada mediante SDS-PAGE y Western blot. La proteína recombinante hemaglutinina de ~70 kDa fue expresada por una clona transformada mediante *A. tumefaciens*, sin embargo la clona perdió el inserto durante el subcultivo. Por el contrario, las clonas transformadas por biobalística mantuvieron el inserto durante seis meses pero la producción de hemaglutinina no fue detectada. Los resultados preliminares muestran que la expresión de hemaglutinina recombinante es factible mediante la transformación nuclear de *D. salina*, sin embargo el uso de esta microalga como sistema de producción de proteínas recombinantes requiere investigar y contrarrestar las causas de la inestabilidad de la transformación y síntesis proteica.

EXPRESIÓN DE PROTEÍNAS INMUNOMODULADORAS COMO LOS FACTORES TIPO KRUPPEL 5, 6, 9 Y 10 Y GLICOPROTEÍNAS ESPECÍFICAS DEL EMBARAZO EN TEJIDOS DE CÁNCER CERVICAL

Marrero-Rodríguez D^{1,2}, Taniguchi-Ponciano K², Romero-Morelos P², Mendoza-Rodríguez M², Paniagua-García L², Gómez-Gutiérrez G³, Serna-Reyna LH³, Ortiz-León J³, Meraz-Ríos M⁴, Mantilla-Morales A⁵, Jiménez-Vega F¹ y Salcedo-Vargas M^{2*}

¹Laboratorio de Biotecnología, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, Anillo envolvente S/N, C.P. 32310, PRONAF, Cd. Juárez, Chih.

²Laboratorio de Oncología Genómica, UIMEO, Hospital de Oncología, CMN SXXI, IMSS, México, D.F.

³Clínica de Displasias, Hospital General de México, S.S., Dr. Balmis No.148, Col. Doctores, Delegación Cuauhtémoc C.P. 06726, México, D.F.

⁴Departamento de Biomedicina Molecular, CINVESTAV, Av. Instituto Politécnico Nacional No. 2508 San Pedro Zacatenco, Gustavo A. Madero, C.P. 07360, México, D.F.

⁵Servicio de Patología, Hospital de Oncología, CMN SXXI, IMSS, México, D.F.

maosal89@yahoo.com

El cáncer cérvico-uterino (CaCU) es la segunda neoplasia femenina en incidencia y mortalidad en México y el mundo, la cual es precedida por lesiones cervicales intraepiteliales de bajo (LIBG) y alto grado (LIAG), siendo la infección por virus de papiloma humano (VPH) uno de los factores etiológicos más importantes. Se ha sugerido que en la carcinogénesis, la inmunomodulación puede ser un proceso altamente asociado al desarrollo y progresión de la misma. La presencia de proteínas inmunomoduladoras como PSG's ha sido previamente demostrada en nuestro laboratorio en CaCU, por lo que nos interesamos en demostrar la presencia de sus reguladores transcripcionales como los son KLF's. La familia de los KLF está compuesta por 17 miembros, descritos como factores de transcripción de los cuales KLF5, 6, 9 y 10 han sido reportados como reguladores transcripcionales de PSG's. La presencia de las moléculas anteriormente mencionadas ha sido reportada en distintos tipos de neoplasias a excepción de CaCU. Por lo que se tiene como objetivo describir el patrón de expresión de KLF's y PSG1 y 11 en tejido cervical, desde epitelio sin lesión hasta CaCU. Para ello se analizaron muestras de epitelio cervical sano, n=2; LIBG, n=20; LIAG, n=20; CaCU, n=20, previo consentimiento informado de las pacientes del Hospital de Oncología CMN Siglo XXI. Se generó un microarreglo de tejidos para determinar la expresión proteica mediante inmunohistoquímica (IHQ), utilizando anticuerpos monoclonales primarios. A su vez, se realizó el análisis de transcritos por qRT-PCR y RT-PCRpf para detectar isoformas. Los resultados de IHQ muestran una relación directa entre la presencia de los KLF's analizados y PSG1 y 11 desde LIBG hasta CaCU. Así mismo se encontró por RT-PCRpf que KLF6wt es predominante en expresión en relación a su isoforma KLF6sv1 asociada a otros tipos de cáncer. Sugiriendo esto una posible regulación transcripcional positiva de KLF's hacia PSG's en CaCU como en otras neoplasias, permitiendo el desarrollo y progresión de la misma. Convirtiendo a los miembros de esta familia en un posible blanco terapéutico; para ello se están realizando los ensayos funcionales que permitirán demostrar directamente su papel en la adquisición y desarrollo del CaCU.

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE *Toxocara spp.* EN SUELOS COMO FACTOR DE RIESGO PARA TOXOCARIOSIS HUMANA (Preliminar)

Romero-Núñez C* y Bautista-Gómez LG

Centro Universitario UAEM Amecameca, Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia

cromeron@uaemex.mx

La toxocariosis humana es una zoonosis parasitaria, causada por formas larvianas de especies del género *Toxocara spp.* se presenta en forma asintomática o con diversas manifestaciones, como compromiso respiratorio, eosinofilia, fiebre, adenopatías, afectación del sistema nervioso central, miocardio y piel, pudiendo ser incluso mortal. Clínicamente, puede presentarse como síndrome de larva migrans visceral, ocular, toxocariosis neurológica y encubierta, siendo muy común en niños. La contaminación del suelo es un factor de riesgo determinante en la adquisición de toxocariosis en niños, adultos y mascotas, debido a que los huevos embrionados se encuentran en suelos de parques, jardines, plazas públicas. En México se han realizado estudios de contaminación de suelos con huevos de *T. canis*, identificados por métodos directos como flotación, encontrando porcentajes de 8.5% al 39%; en el Distrito Federal, se encontró una prevalencia de 12.5%; en suelos de delegaciones del sur de la Cd. de México se ha reportado un 14.4 %, mientras que en parques de Tulyehualco, D.F. se encontró 60 % prevalencia, en Tejupilco se encontró un 24.6 % en parques y en casas un 19.5 %, mientras que, en parques de Nezahualcoyotl se encontró un rango del 18 % a 39 %, esto considera un riesgo de infección de las poblaciones humanas, el cual es mayor si se utilizan pruebas moleculares, aumentando los porcentajes hasta en un 50%, por lo anterior el objetivo de este trabajo es la identificación molecular y filogenética de *Toxocara spp.*, en suelos de parques públicos, para ello se emplean los primers ITS1 e ITS2 específicos para *T. canis*, *cati*, *malaysiensis* y *leonina*, en muestras de suelo recolectadas en Amecameca, Estado de México, los productos de la amplificación, serán purificados a partir de gel y secuenciados para su análisis filogenético. Hasta el momento se está trabajando con la extracción, purificación y amplificación del ADN a partir de suelo, teniendo como control positivo los huevos y parásitos adultos de *Toxocara spp.*, obtenidos de perros parasitados, por lo que al momento se cuentan con 20 muestras positivas, con lo cual se tiene un 30% más de suelos parasitados que los identificados por métodos de flotación.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE MICROORGANISMOS PRESENTES EN EL PROCESO DE OBTENCIÓN DE BIOETANOL DE RESIDUOS ORGÁNICOS DE FRUTA

Atonal-Yáñez J¹, Galindo-Pérez EJ^{1,2*}, Chávez-Sandoval BE¹, Castañeda-Briones MT¹, Martínez-García M², Campos-Contreras JE², Monsalvo-Reyes AC² y García-Franco F^{1**}

¹Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Autónoma Metropolitana-Azcapotzalco (UAM-A). Av. San Pablo #180, Col. Reynosa Tamaulipas. C.P. 02200, México

²Facultad de Estudios Superiores-Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México. Avenida de los Barrios S/N. Los Reyes Iztacala. C.P. 54090, Tlalnepantla, Estado de México

ez_gp553381@hotmail.com
fgf@correo.azc.uam.mx

El uso de las fuentes energéticas basadas en el petróleo ha llevado a un desequilibrio ecológico, por lo que es importante desarrollar medidas del cuidado y mejoramiento del ambiente, por ello se han buscado fuentes alternativas sustentables, una de ellas la representan los biocombustibles obtenidos de residuos orgánicos tanto industriales como domésticos, los cuales prometen disminuir el impacto ambiental. El bioetanol producido durante la fermentación de residuos frutales por microorganismos representa una fuente energética importante a partir de estos residuos de segunda generación. La caracterización de las comunidades microbianas encargadas de la fermentación permite identificar a los microorganismos que llevan a cabo este proceso, los cuales son importantes para bioaumentar las fermentaciones y eficientizar la obtención de este recurso. En el presente trabajo de investigación se caracterizaron los microorganismos presentes durante el proceso de fermentación de residuos de fruta, morfológicamente y se está llevando a cabo la identificación con técnicas moleculares.

ALTERACIONES EN LA PROLIFERACIÓN DE CÉLULAS MESENQUIMALES DE RATAS DESNUTRIDAS

Cortés Barberena E*, Palacios Sánchez N y Ortiz Muñiz R

Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo. Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa

cobe@xanum.uam.mx

En estudios previos realizados en un modelo de desnutrición experimental durante la lactancia en ratas, se ha observado alargamiento del ciclo celular, así como reducción en la proporción de células proliferantes, tanto *in vivo* como *in vitro*, sin embargo no se conoce el efecto de la desnutrición en las células mesenquimales (troncales). El objetivo del presente trabajo fue determinar el efecto de la desnutrición moderada y grave sobre la proliferación *in vivo* en células mesenquimales de médula ósea de ratas con desnutrición experimental. Se indujo la desnutrición experimental por competencia de alimento durante la lactancia en ratas de la cepa Wistar. Al día 21 se administró intraperitonealmente, bromodesoxiuridina (BrdU) en una dosis de 1 mg/g de peso corporal a ratas con desnutrición moderada (DN2°) y desnutrición grave (DN3°) así como a ratas bien nutridas (BN). Al término del tiempo de incorporación, se extrajo la médula ósea del fémur y se identificaron a las células mesenquimales proliferantes con los anticuerpos anti-CD90-PE y anti-BrdU-FITC. Las células fueron analizadas por citometría de flujo. En el porcentaje de las células mesenquimales en proliferación de ratas BN se observaron fluctuaciones en los diferentes tiempos de incorporación de BrdU (2h: 63.6±20.3%, 4h: 50.2±7.7%; 6h: 61.9±N.D.%; 8h: 44.4±7.7%). Estos cambios podrían ser resultado de la diferenciación de estas células. En cambio, en las ratas DN2° se observó menor porcentaje de células mesenquimales proliferantes a las 2 horas, en comparación con las ratas BN, y se incrementó a lo largo de los tiempos estudiados (2h: 46.4±13.5%; 4h: 57.5±14.7%; 6h: 62.0±2.4%; 8h 74.0±2.6%). En las ratas DN3° se observó un porcentaje similar a las ratas DN2° a las 2h, pero solo se observó un aumento a las 8 horas (2h: 46.6±15.1%; 4h: 45.4±15.0%; 6h: 39.5±11.0%; 8h: 50.0±16.8%). Estos datos complementan resultados previos en los que se observó que se incrementa el tiempo del ciclo en las ratas con desnutrición moderada, y en las ratas desnutridas graves hay un descenso importante en la proporción de células proliferantes.

Apoyo CONACyT clave 118848.

POTENCIAL DE RENDIMIENTO DE VARIEDADES NATIVAS DE CHILE GUAJILLO DE ZACATECAS, MÉXICO

Moreno-Ramírez Y del R, López-Sánchez H*, López PA, Santacruz-Varela A, González-Hernández VA y Córdova-Téllez L

Colegio de Postgraduados, Campus Puebla. Km 125.5 Carr. Federal México-Puebla, Santiago Momoxpan, San Pedro Cholula, Puebla, México. C.P. 72760, Campus Montecillo. Km 36.5 Carr. Fed. México-Texcoco, Montecillo, Texcoco, Edo. de México. C.P. 56230

higiniols@colpos.mx

En México la superficie sembrada para la producción de chile en el 2009 fue de 144,109 ha. Los Estados con mayor superficie sembrada fueron Zacatecas, Chihuahua, San Luis Potosí, Sinaloa y Durango. En Zacatecas, el chile es el cultivo más importante, debido a que se siembra en el 25% del área de riego y a que aporta una derrama económica del 35% en el sector agrícola. En éste, la mayor parte de la producción (80%) se destina a chile seco, predominando el Guajillo, seguido del Ancho y Pasilla. A pesar de su importancia, los rendimientos obtenidos por los agricultores en éstos tipos de chile aún son muy bajos, ya que en pasilla se reportan 2,600 kg/ha, en el ancho 1,669 kg/ha, y en el mirasol 1,608 kg/ha, lo que origina la necesidad de generar más variedades para incrementar su rendimiento. El objetivo de este estudio fue seleccionar variedades nativas con base en su rendimiento de fruto seco, para lo cual, en 2011 se evaluaron 97 poblaciones de guajillo, 6 de puya, 3 de pasilla y 1 de cola de rata, utilizando como testigo 2 variedades mejoradas y un híbrido comercial, establecidos en un diseño látice simple 10×11 , establecidos en Guadalupe y Fresnillo, Zacatecas. El rendimiento promedio de las 26 mejores variedades fue de 3656 kg/ha. Las mejores 3 variedades nativas fueron la CHG104 con 4464 kg/ha, la CHG103 con 4043 kg/ha, y la CHG77 con 4009 kg/ha. El rendimiento de los testigos fue de 4155 kg/ha para el híbrido, de 3737 kg/ha para la variedad DNRG4 y de 1995 kg/ha para DNLG3. El híbrido tuvo 43 días a floración, mientras que las 3 mejores variedades nativas y las variedades testigo tuvieron 47 días a floración. Además de ser más precoz, el híbrido, con 50 cm, fue también la variedad de menor altura de planta, mientras que la de las 3 mejores variedades osciló entre 63 y 69 cm y la de las otras variedades testigo fue de 73 cm. Se concluye que existe potencial genético en las variedades nativas de chile guajillo para generar variedades mejoradas.

MODELO NEURONAL PARA EL DIAGNÓSTICO DE NEFROPATÍA DIABÉTICA BASADO EN INFORMACIÓN PROTEÓMICA EN ORINA

Celis Porras J*¹ y Loera Castañeda V²

¹Departamento de Ingeniería Eléctrica y Electrónica del Instituto Tecnológico de Durango.
Felipe Pescador 1830 Oriente, Nueva Vizcaya, 34080, Durango. Dgo.

²CIIDIR-Durango Instituto Politécnico Nacional. Sigma 119 Fracc. 20 de noviembre II,
Durango. Dgo.

jcelisp@yahoo.com.mx
veronicaloera@gmail.com

La nefropatía diabética representa un problema de salud pública importante y creciente, que puede ser mejorado mediante la detección más precisa en una etapa inicial. Lo cual puede permitir la aplicación de fármacos específicos y la iniciación pronta de la terapia preventiva adecuada puede retrasar o prevenir la progresión a etapas posteriores de la enfermedad. La nefropatía diabética se diagnostica por la presencia de proteinuria y / o cambios en la creatinina sérica que indican disminución de la tasa de filtración glomerular. A pesar de que estas pruebas son apropiadas en pacientes con nefropatía diabética avanzada, la especificidad y la sensibilidad moderada en las primeras etapas de la enfermedad son las principales limitaciones para el diagnóstico precoz con estas pruebas estándar. Nuestra intención es desarrollar un modelo de diagnóstico para determinar la nefropatía diabética basado en la red neuronal perceptrón multicapa (MLP) entrenada con los biomarcadores pépticos significativos en la orina. Se seleccionaron 442 pacientes 373 padecen diabetes tipo I o II y 69 pacientes presentan algún grado de nefropatía diabética. El análisis de las muestras de orina y el procesamiento de datos por el método electroforesis capilar acoplado a un espectrómetro de masas dio como resultado un máximo de 5010 péptidos distintos, para describir el proteoma de bajo peso molecular del sistema *urinario humano*. Se utilizaron los 255 biomarcadores péptido más significativos, seleccionados con el algoritmo no paramétrico de Kruskal- Wallis para desarrollar un modelo de clasificación con una red neuronal (MLP), con 20 neuronas en la capa oculta, entrenada durante 33 épocas hasta alcanzar un error cuadrático medio 0.034. El modelo logró diagnosticar con un 93.9 % de acierto una muestra de validación de 66 casos, de los cuales 57 padecen diabetes y 9 nefropatía diabética.

**MODULACIÓN DE LA VITAMINA C Y EL FeSO_4 SOBRE LA ACTIVIDAD
GENOTÓXICA DEL URETANO EN SMART EN ALA DE *Drosophila melanogaster*
(CRUZAS E y BE)**

Cruz-Atanasio WI, Arellano-Llamas MR, Dueñas-García IE*, Santos-Cruz LF, Castañeda-Partida L, Durán-Díaz A y Heres-Pulido ME

Laboratorio de Genética Toxicológica. Facultad de Estudios Superiores Iztacala. Av. De los Barrios No. 1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, Estado de México

iduenasg@gmail.com

Dependiendo de la dosis, o del desequilibrio en la homeostasis de los metales libres, la vitamina C (Vit.C) tiene efecto antioxidante o pro-oxidante. El uretano (URE) es un promutágeno que se encuentra en alimentos productos de la fermentación. Con SMART en ala de *Drosophila melanogaster*, cruza Estándar (CE) y Bioactivación Elevada (CBE), que tienen niveles basales y altos de citocromos P450 (Cyp450s), respectivamente, se evaluaron los cotratamientos URE/ FeSO_4 ; URE/Vit.C y URE/ FeSO_4 /Vit.C. Se expusieron larvas de tercer estadio de ambas cruza, a tratamientos crónicos con URE (20 mM), Vit.C (5.6 mM) o FeSO_4 (0.2 mM) y a los cotratamientos con URE añadiendo FeSO_4 , Vit.C, o FeSO_4 / Vit.C; el diluyente para todos los compuestos fue agua miliQ. Se agregaron 2 mL de cada solución en 0.5 g de medio instantáneo para *D. melanogaster*. Se realizaron preparaciones permanentes de alas silvestres de ambas cruza y se revisaron a 40x, sin prejuicio. Se realizaron tres experimentos independientes con tres réplicas cada uno y los resultados se compararon estadísticamente (SMART-PC vs.2.1) con sus testigos correspondientes. En la CE se obtuvieron los siguientes resultados: (i) FeSO_4 y FeSO_4 /Vit.C fueron genotóxicos, con frecuencias mayores de clones pequeños y totales; (ii) URE/ FeSO_4 y URE/Vit.C disminuyeron las manchas grandes y totales, con la siguiente jerarquía: URE/ FeSO_4 < URE/Vit.C. En la CBE los resultados mostraron: (i) La diferencia en la genotoxicidad del URE relacionada con los niveles de Cyp450s; (ii) Ninguna diferencia en los tratamientos, excepto el URE; (iii) Disminución en la frecuencia de clones pequeños, grandes y totales en todos los cotratamientos, con la siguiente jerarquía: URE/Vit.C < URE/ FeSO_4 < URE/Vit.C/ FeSO_4 < URE. Dicha disminución en las frecuencias o “protección” del daño por el URE debe estar relacionada con el posible aumento de estrés oxidante, mayor en CBE por los niveles altos de Cyp450s. Se propone que lo anterior aumente la apoptosis en los discos imaginales del ala, con la consecuente disminución de clones y la modulación del daño genotóxico producido el URE.

EVALUACIÓN TÓXICA Y GENOTÓXICA DEL PARASITICIDA GHMPF EN SMART EN ALA DE *Drosophila melanogaster* (CRUZA E)

Olvera-Romero Z¹, Heres-Pulido ME¹, Hernández-Luis F², Mendoza-Martínez C², Dueñas-García IE¹, Durán-Díaz A¹ y Santos-Cruz LF^{1*}

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

²Departamento de Farmacia. Facultad de Química, UNAM. Ciudad Universitaria, Coyoacán, Distrito Federal

neladiaem@yahoo.com.mx

Trypanosoma cruzi causa la enfermedad de Chagas que puede ocasionar lesiones en corazón, aparato digestivo y sistema nervioso. La OMS reporta que 10 millones de personas en el mundo están infectadas, principalmente en América Latina, donde ésta es endémica. El tratamiento en contra de ésta radica en la utilización de tripanocidas, muchos de los cuales tienen efectos adversos a la salud. El objetivo del presente trabajo fue evaluar los posibles efectos tóxicos y/o genotóxicos del tripanocida GHMPF, sintetizado en la Facultad de Química (UNAM), sobre *D. melanogaster*. Se realizó la prueba CL₅₀ del GHMPF (15.8, 31.75, 63.5, 127, 254 y 508 µM/EtOH 2%) en las líneas flare y Oregon-flare de *D. melanogaster* en tres experimentos independientes con cinco réplicas por concentración y con 10 larvas de tercer estadio por réplica; los resultados se analizaron con la prueba Kolmogorov-Smirnov. Se evaluó el efecto genotóxico del GHMPF con la cruza estándar de SMART en ala de *D. melanogaster*, exponiendo larvas de tercer estadio a los tratamientos crónicos: agua miliQ, EtOH (1.25, 2.5 y 5%), Uretano (20 mM), GHMPF (4, 8 y 16 µM) disueltas en EtOH 1.25, 2.5 y 5%, respectivamente. Todos los tratamientos se realizaron por triplicado y en tres experimentos independientes. Se revisaron, sin prejuicio, las alas de fenotipo silvestre a 40X y los resultados se analizaron con el programa estadístico SMART PC-versión 2.1. En la prueba CL₅₀ no se encontró efecto tóxico a ninguna de las concentraciones probadas de GHMPF. En SMART en ala se encontraron diferencias significativas para manchas grandes en el tratamiento EtOH 1.25%, y manchas pequeñas, grandes y totales en el tratamiento Uretano, ambos con respecto al agua. No se encontraron diferencias significativas entre las concentraciones probadas de GHMPF con respecto a sus testigos disolventes. Se discute el resultado del tratamiento EtOH 1.25% y se concluye que el tripanocida GHMPF no presenta efecto tóxico, ni genotóxico en este modelo biológico y bajo estas condiciones experimentales.

GENOTIPIFICACIÓN DE AISLADOS CLÍNICOS DE *Helicobacter pylori* OBTENIDOS DE PACIENTES DEL HOSPITAL GENERAL DEL ESTADO DE SONORA

Aguilar-Chaparro MA, Borrego-López MF, Gracia-Duran SY y Ruiz-Bustos E*

Departamento de Ciencias Químico Biológicas, Universidad de Sonora. Blvd. Luis Encinas y Rosales s/n. Col. Centro. 83000 Hermosillo, Sonora

erbustos@guayacan.uson.mx

Helicobacter pylori establece en la mayoría de los individuos infectados, una inflamación crónica, asintomática, de larga duración en la región antro-pilórica del estómago. Debido a la relación entre la carga genética del microorganismo, y la severidad del padecimiento que causa, el presente trabajo tuvo la finalidad de conocer las características genéticas de aislados clínicos de *H. pylori* obtenidos de pacientes del Hospital General del Estado de Sonora, para así contar con más herramientas para su identificación. Para ello, se utilizaron 40 cepas aisladas, en Infusión Cerebro Corazón (BHI) suplementado con 15% de suero de caballo y antibióticos de pacientes; incubándose en agar sangre suplementado al 5% con paquete globular humano, para evaluar el desarrollo colonial. Se obtuvieron 10 muestras con el desarrollo colonial adecuado, a las cuales se les extrajo el ADN con el kit comercial QIAamp DNAm mini. Se analizó el ADN extraído en términos de concentración y pureza en un espectrofotómetro (NanoDrop) a una absorbancia de A260/A280 nm. Por otra parte, su integridad se determinó por medio de electroforesis en gel de agarosa al 1% revelándose con SYBR Safe (QIAGEN). Para la detección de los segmentos de los genes ureC, cagA, vacA, BabA, glmM, vacAm y Bab7 se emplearon iniciadores comerciales, reportados en la literatura. La PCR (QIAGEN) utilizada, fue la estándar, manteniéndose constantes las condiciones (por reacción), para la amplificación de los segmentos y la visualización de los productos de PCR por electroforesis en geles de agarosa al 1%. Las bandas fueron teñidas con SYBR Safe empleando un marcador de longitud (1 Kb Invitrogen) para la determinación del producto obtenido. La información generada en el presente proyecto proporcionará datos epidemiológicos que a largo plazo indicarán la prevalencia de las distintas cepas de *H. pylori* y su relación con los padecimientos gástricos en la región. Así como la obtención de un banco de datos sobre las principales características genéticas de aislados clínicos de *Helicobacter pylori*.

CUANTIFICACIÓN DE LA BIOMASA DE *Mycosphaerella fijiensis* (Ascomycetae) EN RESIDUOS DE HOJAS DE PLÁTANO TRATADAS CON UREA

Guzmán-González S^{1*}, Manzo-Sánchez G¹, Ríos-Velasco R¹, Valadez-Ramírez P¹, Buenrostro-Nava MT¹, Orozco-Santos M² y Canto-Canche BB³

¹Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Colima, Apdo. Postal 28100, Tecomán, Col.

²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) Apdo. Postal 28984, Tecomán Col.

³Unidad de Biotecnología Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY), Apdo. Postal 97200, Mérida, Yucatán

sguzman@ucol.mx

El hongo *Mycosphaerella fijiensis* ataca al cultivo de plátano, este daña el área foliar de la planta por lo que reduce su área fotosintética y en consecuencia demora la floración, la cosecha, el llenado del racimo y también la vida verde de la fruta se ve reducida, de tal forma que genera grandes pérdidas en la etapa de comercialización. El combate de *M. fijiensis* depende principalmente de la aplicación continua de fungicidas sin embargo, existen otras alternativas (prácticas de cultivo) que ayudan a reducir la presencia del hongo, de las cuales la más importante es la eliminación total o parcial de las hojas afectadas, ya que estas representan la única fuente de inóculo de la enfermedad. Estas hojas son colocadas en minicomposteros, el cual consiste en apilar los productos de desecho de las plantas de plátano en montones. Como estrategia para disminuir el inóculo del hongo *Mycosphaerella citri* el cual afecta a las hojas de los cítricos, se ha utilizado la aspersión foliar de urea en residuos de hojas, en donde se observa una disminución de hasta el 90% de ascosporas producidas, en comparación con el testigo. Por lo cual en este trabajo se planteó que la urea pudiera reducir la presencia de *M. fijiensis*. Para demostrar lo anterior se realizaron 20 tratamientos en donde se colocaron dos hojas marcadas con estrías de grado seis en la escala de foure los cuales a 10 se les asperjo urea al 10% y los restantes quedaron como testigo, se recolectaron muestras de aproximadamente 1 cm² en tubos eppendorf de dos mL cada semana durante 10 semanas, posteriormente se extrajo el ADN y se sometió a cuantificación por PCR en tiempo real. Los resultados del análisis del promedio de la cuantificación de la biomasa de las 10 repeticiones de los tratamientos c/u, muestran un descenso en la cantidad de biomasa del hongo conforme va pasando el tiempo de una manera más notable que en las del tratamiento s/u. la aplicación de urea en la hojarasca puede reducir la biomasa de *M. fijiensis* lo cual puede ser útil para un programa integrado de gestión de la Sigatoka negra.

EFECTO DEL CONSUMO DE TABACO EN LA ASOCIACIÓN ENTRE POLIMORFISMOS EN EL GEN TLR2 Y TLR8 Y SUSCEPTIBILIDAD A TUBERCULOSIS PULMONAR

Martínez Reculez LS^{1,2}, Torres-Espíndola LM³, Velazquez-Cruz R⁴, Hernández-A¹, Tena-Suck ML⁵, Granados-Montiel J⁶, Granados-Arriola J⁷, Salazar-Lezama MA¹, Salinas-Lara C⁵, Juárez-Millán MA², Pérez-Padilla R¹ y Castillejos-López MJ¹.

¹Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias

²Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM

³Laboratorio de Farmacología, Instituto Nacional de Pediatría

⁴Laboratorio del Metabolismo Óseo, Instituto Nacional de Medicina Genómica

⁵Laboratorio de Patología, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía

⁶Instituto Nacional de Rehabilitación

⁷Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición

mcastillejos@gmail.com

Estudios recientes han demostrado que componentes del tabaco pueden contribuir a la disregulación de los Receptores tipo Toll (TLRs). Por lo que el conocimiento del papel del consumo del tabaco sobre la asociación entre los polimorfismos de los TLRs y la tuberculosis pulmonar, permitirá generar medidas de prevención en individuos susceptibles de desarrollar tuberculosis pulmonar. Con el propósito de determinar si el consumo de tabaco modifica la asociación entre polimorfismos de los genes TLR2(rs5743708, rs5743704) y TLR8(rs3764879, rs3788935, rs3761624 y rs3764880) y susceptibilidad a TBP, se realizó un diseño de casos y controles. Los casos de TBP (n=90) y sus contactos no consanguíneos (n=180) fueron invitados a participar firmando un consentimiento informado. Enseguida se les aplicó un cuestionario estandarizado para evaluar factores de riesgo. En muestras de sangre venosa se extrajo el DNA y se genotificaron los SNPs con la técnica de PCR-TaqMan. Se obtuvieron las frecuencias para las variables cualitativas y las medias para las variables cuantitativas, los valores de p se calcularon a partir de comparar las proporciones de genotipos mediante prueba de χ^2 . La magnitud de la asociación se midió mediante prueba de Razón de Momios(OR) e IC95%. Una asociación se consideró significativa cuando el IC95% no incluyó al valor nulo. El proyecto se registró en el comité de ética e investigación del INER (Código: E08-10). 41.9% correspondieron al género masculino; la edad media fue de 45.7±16.3 años. No hubo asociación estadísticamente significativa entre los polimorfismos de los genes TLR2(rs5743708, rs5743704) y TLR8(rs3764879, rs3788935, rs3761624 y rs3764880) y susceptibilidad a TBP. Sin embargo al estratificar por tabaquismo actual se determinó que el consumo de tabaco incrementa el riesgo de desarrollar tuberculosis en individuos que poseen los polimorfismos rs3761624(OR=4.7 IC95%:1.8-12.4), rs3788935(OR=4.6 IC95%:1.5-13.9) y rs3764879(OR=3.6 IC95%:1.4-8.9); y disminuye en quienes poseen la variante rs3764880(OR=0.4 IC95%:0.2-0.9) entre los no fumadores. El consumo de tabaco modifica la asociación entre genotipos de TLR8 pero no de TLR2, ya que incrementa el riesgo de desarrollar TBP en quienes poseen los polimorfismos rs3761624, rs3788935 y rs3764879 y lo disminuye en quienes poseen la variante rs3764880 entre los no fumadores.

ESTIMACIÓN DEL DAÑO AL ADN EN CÉLULAS TESTICULARES DEL RATÓN CD-1, TRATADO CON ACETATO DE TALIO

Hernández-de la Cruz H, Rodríguez-Mercado JJ* y Altamirano-Lozano MA

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental. L5-PA, Unidad Multidisciplinaria de Investigación Experimental (UMIE-Z), UNAM FES-Zaragoza, México, D.F.

juserom@unam.mx

El talio es un metal muy tóxico considerado de alto riesgo para los humanos y la vida silvestre. Es un contaminante ambiental y laboral que cruza las membranas biológicas utilizando los canales iónicos. En mamíferos se distribuye por la circulación sistémica y se acumula en distintos órganos principalmente cerebro, testículo, hígado y riñón. Se conoce que algunos de sus efectos tóxicos tienen influencia en el desarrollo y la reproducción, lo cual pone en riesgo la descendencia, sin embargo se conoce poco el modo de acción. Por lo anterior, en esta investigación se estimó el daño al ADN provocado por el acetato de talio a nivel testicular en ratones macho CD-1 tratados subcrónicamente con acetato de talio. Se trabajó con 4 grupos de 5 animales, un grupo control y tres tratados vía intraperitoneal cada tercer día con subdosis de 1/8, 1/16 y 1/32 de la DL_{50} (37 mg/Kg) durante 60 días. Al finalizar el tiempo de tratamiento, los animales se sacrificaron, se obtuvieron los testículos, se disgregaron las células mecánicamente, se evaluó la viabilidad y se hicieron las preparaciones para estimar el daño al ADN por el ensayo cometa. Los resultados obtenidos de la viabilidad evaluada con la prueba de colorantes fluorescentes no mostraron cambios significativos, los valores del grupo control fueron mayores al 97 % de células viables, en tanto que en los grupos tratados del 95 %. La evaluación del daño al ADN mostró incremento en la longitud del cometa únicamente en el tratamiento de 1/32 de la DL_{50} con agente químico, donde la longitud del cometa en células chicas y células grades fue de 65.00 ± 7.16 y 77.80 ± 7.57 del grupo control contra 82.89 ± 14.62 y 100.28 ± 19.54 del grupo tratado, respectivamente. Los datos indican que el acetato de talio no cambia la viabilidad en los grupos tratados, sin embargo es capaz de producir daño al ADN a dosis bajas. Este estudio confirma que el talio afecta las células testiculares a ciertas dosis, sin embargo es conveniente evaluar diferentes parámetros para confirmar los efectos reprotóxicos que pueda ejercer el metal. **Apoyo UNAM, proyecto PAPIIT IA201312. Hernández-De la Cruz H becario CONACyT No 270138.**

ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO INSERCIÓN/DELECIÓN DE LA ENZIMA CONVERTIDORA DE ANGIOTENSINA EN PACIENTES CON ESPONDILITIS ANQUILOSANTE

Garza Cruz MA¹, Morán Moguel MC², Salazar Páramo M³, Topete Reyes JF^{4,5}, Rodríguez Machuca EY⁶, Enríquez Barajas CM⁶, Avelar Ocampo FA¹, Carlos Buenrostro D¹, Cerda Salas CR¹ y Valdovinos Maravilla JP

¹Universidad Guadalajara Lamar

²Centro de Investigación Biomédica de Occidente del IMSS

³Unidad Médica de Alta Especialidad Centro Médico Nacional de Occidente del IMSS

⁴Hospital General Regional 46

⁵Doctorado en Ciencias Biomédicas de la Universidad de Guadalajara

⁶Universidad de Guadalajara. Av. Vallarta No. 3273-1 Guadalajara Jal.

mag_c894@hotmail.com

La Espondilitis Anquilosante (EA) es una enfermedad sistémica inflamatoria, crónica de etiología desconocida, que se caracteriza por la afectación del esqueleto axial principalmente sacroilitis. En su patogenia se ha involucrado factor de necrosis tumoral α , que es regulado por varias moléculas entre ellas angiotensina II cuyos niveles y actividad dependen de la enzima convertidora de angiotensina, más precisamente de su polimorfismo inserción/delección (I/D). El objetivo de este estudio es identificar si hay asociación entre el polimorfismo I/D del gen ACE, específicamente el alelo de la delección con EA. Se incluyeron pacientes con el diagnóstico de EA establecido de acuerdo a los criterios del colegio americano de reumatología, con fines de comparación se consideraron individuos clínicamente sanos. La genotipificación se efectuó mediante la extracción de ADN a partir de sangre periférica para realizar la reacción en cadena de polimerasa. Los fragmentos de interés se sometieron a electroforesis en gel de poliacrilamida al 8% que se tiñeron con nitrato de plata. El análisis estadístico se llevó a cabo con χ^2 . Se incluyeron 82 pacientes con EA y 288 individuos sanos. La distribución genotípica para EA fue: Homocigotos para la inserción 12(14.63%) Heterocigotos 24(29.26%), Homocigotos para la delección 46(56.09%). La genotipificación de los controles fue, Homocigotos para la inserción 74(25.69%), Heterocigotos 151(52.43%), Homocigotos para la delección 63(21.87). se encontró diferencia estadísticamente ($p < 0.05$) significativa entre los grupos. Existe una asociación estadísticamente significativa entre el alelo de la delección y el genotipo DD en el desarrollo de la Espondilitis Anquilosante.

ANTIGENOTOXICIDAD DE LA CÚRCUMA FRENTE AL INSECTICIDA AZINFOS METÍLICO EN *Vicia faba*

Gómez-Arroyo S¹, Cortés-Eslava J¹, Puente Revelo AC², Carlos Palestina A³ y Villalobos-Pietrini R⁴

¹Laboratorio de Genotoxicología Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México. Circuito Exterior Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, México D.F.

²Escuela Nacional Preparatoria No. 8 "Miguel E. Schulz"

³Escuela Nacional Preparatoria No. 9 "Pedro de Alba", Universidad Nacional Autónoma de México

⁴Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México. Circuito Exterior Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, México D.F.

jcortes@atmosfera.unam.mx

El daño genético provocado por la contaminación ambiental se ha relacionado con la inducción de cáncer, efectos reproductores, enfermedades crónico-degenerativas, etc. Entre los agroquímicos, los insecticidas constituyen potenciales agentes genotóxicos. Por otra parte, se han descrito derivados vegetales que protegen contra moléculas reactivas o bloquean el daño al ADN como la cúrcuma, éste fitoquímico con actividad antiinflamatoria, antioxidante y anticarcinogénica, es empleado como condimento para añadir color y sabor. Se empleó el ensayo cometa con el objetivo de evaluar el efecto de la cúrcuma sobre la genotoxicidad inducida por el azinfos metílico (gusatión). Raíces de haba incubadas en una solución 500 µg/mL de cúrcuma 12 horas previas al tratamiento, fueron sometidas a 500, 1000, 2000 y 4000 ppm del insecticida por dos horas. El testigo negativo se mantuvo en agua destilada y el positivo en dicromato de potasio 0.05 M. Los núcleos aislados en amortiguador frío, se colocaron en partes iguales con agarosa de punto de fusión bajo en portaobjetos pre-cubiertos. Cuando solidificaron se les aplicó otra capa de agarosa y se sometieron 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 cúrcuma disminuyó significativamente la genotoxicidad del insecticida en sus diferentes concentraciones así como la del dicromato de potasio y no hubo relación dosis respuesta. El trabajo demostró la capacidad de la cúrcuma para disminuir el daño al ADN inducido por el insecticida azinfos metílico y por el dicromato de potasio, coincidiendo con trabajos previos además de corroborar la utilidad de las plantas en estudios básicos y aplicados de Toxicología Ambiental. **Agradecimientos al PAPIIT por el apoyo al proyecto IN112510.**

ASOCIACIÓN DE POLIMORFISMOS EN LOS GENES *TCF7L2* Y *CCND1* EN PACIENTES MEXICANOS CON CÁNCER COLORRECTAL

Arredondo Valdez AR, Juárez Vázquez CI, Flores Martínez S, Sánchez Corona J y Rosales Reynoso MA*

División de Medicina Molecular. Centro de Investigación Biomédica de Occidente, CIBO, IMSS. Guadalajara, Jalisco

mareynoso@hotmail.com

El CCR es la tercera causa de muerte por neoplasia en el mundo y la segunda en países occidentales. Los factores de riesgo que influyen en el desarrollo del CCR son del tipo ambientales y genéticos, entre los factores genéticos que participan en el desarrollo de CCR se encuentran genes de la vía de señalización Wnt/ β catenina, y entre los cuales se incluyen los polimorfismos de los genes *TCF7L2* (rs793146 y rs12255372) y *CCND1* (G870A) que desempeñan un papel importante en la carcinogénesis. El objetivo del presente trabajo fue analizar la asociación de los polimorfismos rs7903146 y rs12255372 del gen *TCF7L2* y G780A del gen *CCDN1* en pacientes mexicanos con cáncer colorrectal. Con la siguiente finalidad se analizaron 147 muestras provenientes de una genoteca de ADN de individuos de la población general de Jalisco y una genoteca de 99 muestras de ADN de pacientes con CCR, mediante PCR-RFLP se identificaron los SNP's rs7903146 y rs12255372 del gen *TCF7L2* y el G780A del gen *CCDN1*. Los genotipos se identificaron mediante electroforesis en geles de poliacrilamida al 6%. Se estableció el equilibrio de Hardy-Weinberg (EHW) en las muestras de población general de Jalisco y se compararon las frecuencias entre los grupos de CCR y el de población general de Jalisco mediante la prueba de χ^2 y estadístico exacto de Fisher, con el programa estadístico SPSS, y se estimó el OR de los genotipos mediante el programa estadístico Epi Info 6. Las muestras de población general de Jalisco se encontraron en EHW, los resultados de la prueba χ^2 para el polimorfismo rs7903146 mostraron un valor de $\chi^2 = 12.32$, para el rs12255372 $\chi^2 = 1.09$ y para el polimorfismo G870A $\chi^2 = 1.51$. La prueba exacta de Fisher mostró una $p = 0.000$ para el polimorfismo rs7903146 del gen *TCF7L2*, mientras que para los demás polimorfismos no hubo significancia estadística. El OR para el polimorfismo rs7903146 fue de 2.54 con un IC al 95% de (1.45, 4.44) y un valor de p de 0.0001. En conclusión se encontró asociación significativa el para el polimorfismo rs7903146 del gen *TCF7L2*.

VARIACIÓN Y DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE FENOTIPOS QUÍMICOS FOLIARES DE *Persea americana* Mill VAR *Dryminifolia*

Escalera-Ordaz AK, Ramírez-Arnaud MB, Bucio Sánchez LL, Lara-Chávez MBN, Torres-Gurrola G y Guillén-Andrade H

Unidad de Investigaciones Avanzadas en Agrobiotecnología, Facultad de Agrobiología
“Presidente Juárez”. Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. Paseo General Lázaro
Cárdenas y Berlín S/N. Col. Viveros. C.P. 60170., Uruapan, Michoacán

hguillenandrade@gmail.com

México ocupa el primer lugar como productor de aguacate con el 34 % de la producción mundial; *Persea americana* var. *drymifolia* produce frutos que se consumen y comercializan localmente. Adicionalmente, este germoplasma es utilizado como portainjerto de la variedad “Hass”, la cual abarca un 95 % de la superficie cultivada. Sin embargo, algunos factores limitan su calidad como las enfermedades, plagas y daños por factores físicos. Hay una gran diversidad de compuestos con propiedades antimicrobianas en tejidos de aguacate; la variabilidad química en plantas, frecuentemente está asociada con la distribución geográfica. Si bien se conoce muy poco sobre los metabolitos secundarios presentes en las hojas, capacidad de defensa que le proporcionan a la planta, sus concentraciones así como el efecto de los principales factores que influyen en sus variaciones. En la presente investigación se planteó la caracterización química de aguacate criollo de la raza mexicana del banco de germoplasma de la Facultad de Agrobiología de la UMSNH del estado de Michoacán, como parte integral de la estrategia para evaluar su potencial como portainjertos con características de resistencia a plagas y enfermedades. Se analizó tejido foliar de 262 árboles correspondientes a 54 accesiones que pertenecen a la franja aguacatera del estado de Michoacán. Se determinó el perfil químico foliar de los árboles por cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas. Se cuantificó la concentración de 38 compuestos, de los cuales se identificaron 36. Los más abundantes fueron estragol y cariofileno, cada uno representó más de 10 %, el L-β-pineno y el eugenol metil éter más del 5 % de la concentración total de la muestra. Esta información contribuirá a definir estrategias para la selección de materiales criollos que le aporten un valor agregado a la variedad Hass.

MasAgro-Biodiversidad (SeeD): AMPLIANDO EL USO DE RECURSOS GENÉTICOS EN EL MEJORAMIENTO DE MAÍZ Y TRIGO

Saint-Pierre C¹, Bonnett D¹, Burgueño J¹, Castillo González F², Cibrián- Jaramillo A¹¹, Cortes-Cruz M³, Cortez-Gamboa S⁴, Christen-Gracia JA¹², Espinoza-Banda A⁵, Espinosa-Paz N³, Estrada-Campuzano G⁶, Figueroa-López P³, Fuentes-Dávila G³, Gómez-Montiel NO³, Gonzalez-Ceniceros F⁷, Guerrero Herrera MJ³, Hearne S¹, Hernández Casillas JM³, Hernández-Muela VM³, Herrera Estrella L¹¹, Ireta-Moreno J³, Larios L⁸, Mahuku G¹, Manjarrez-Juárez FJ⁹, Martínez CA¹, Martínez-Rueda CG⁶, Ortega y Corona A³, Ortiz-Monasterio I¹, Osorio-Alcalá L³, Palacios N¹, Payne T¹, Peña-Bautista RJ¹, Preciado-Ortiz RE³, Ramírez-Díaz JL³, Reynolds M¹, Rivas-Dávila ME¹⁰, Ron Parra J⁸, Ruíz Corral JA³, Salinas-García GE¹, Sánchez González J⁸, Sawers R¹¹, Serna-Saldivar SO¹³, Shrestha R¹, Singh P¹, Singh S¹, Solís-Moya E³, Torres-Montalvo H⁷, Trachsel S¹, Vallejo Delgado HL³, Velázquez-Cardelas GA³, Vidal-Martínez VA³, Vikram P¹, Villaseñor-Mir HE³, Willcox M¹, Zamora-Villa V⁵ y Wenzl P^{1*}

¹Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), Edo. de México

²Colegio de Postgraduados

³Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, INIFAP

⁴Universidad Politécnica de Francisco I. Madero

⁵Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro

⁶Universidad Autónoma del Estado de México

⁷Pioneer México

⁸Universidad de Guadalajara

⁹ICAMEX

¹⁰BIDA Sem

¹¹Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad, CINVESTAV

¹²Centro de Investigación en Matemáticas A.C.

¹³Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey.

p.wenzl@cgiar.org

MasAgro-Biodiversidad es uno de los cuatro componentes del Programa de Modernización Sustentable de la Agricultura Tradicional (MasAgro) que impulsa la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA) en coordinación con el CIMMYT. El objetivo de este componente es describir, evaluar, entender y utilizar la amplia diversidad de recursos genéticos de maíz y trigo resguardados en los bancos de germoplasma en México, por ser la diversidad genética un factor clave para el proceso de mejora de las variedades de cultivo, pilar para la seguridad alimentaria y esencial para lograr una continua adaptación de los cultivos a condiciones ambientales cambiantes. A través del *Servicio de Análisis Genético para la Agricultura (SAGA)*, establecido en el Centro Nacional de Recursos Genéticos de INIFAP, MasAgro-Biodiversidad busca analizar las características genéticas de las colecciones de maíz y trigo. La caracterización genética se realiza por *genotificación por*

secuenciación (GBS por sus siglas en inglés), método basado en la re-secuenciación de fracciones pequeñas y bien definidas del genoma. Los resultados combinados de las evaluaciones genotípicas y fenotípicas permitirán realizar estudios de asociación de genoma completo (GWAS por sus siglas en inglés), con el fin de identificar los alelos y/o haplotipos involucrados en la expresión de caracteres de importancia agronómica. El objetivo final es fomentar la expansión del “repertorio genético” de los programas de mejoramiento, proceso que será facilitado, por ejemplo, a través del desarrollo de líneas endogámicas ‘pre-mejoradas’ que movilizarán alelos destacados hacia líneas elite. MasAgro-Biodiversidad está también desarrollando herramientas bioinformáticas para un manejo más eficiente de la información generada, en lo relativo a la captura, almacenamiento, transferencia, interpretación y rápida aplicación de la misma. El proyecto también contribuirá al establecimiento de un programa de posgrado mexicano en *Caracterización y Uso Sustentable de Recursos Genéticos* para formar una nueva generación de científicos que apliquen modernas herramientas genómicas e informáticas en la investigación agrícola orientada a la demanda e impacto. MasAgro-Biodiversidad espera, a mediano plazo, acelerar el desarrollo de variedades de alto rendimiento que toleren los efectos del cambio climático y la creciente escasez de recursos.

TIPIFICACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS *ApaI* y *TaqI* DEL GEN VDR (RECEPTOR DE VITAMINA D) EN PACIENTES CON DIABETES MELLITUS TIPO 2 Y CONTROLES SANOS DEL ESTADO DE JALISCO

Solano-Trujillo AG¹, Rivera-León EA^{2,3}, Fernández MS^{1,3}, Sánchez-Enríquez S^{2,3} y Palmeros-Sánchez B^{1,3*}

¹Laboratorio de Toxicología, Facultad de Biología *campus* Xalapa, Universidad Veracruzana. Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, Xalapa, Ver.

²Laboratorio 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.

³Red Investigación bioquímica, molecular y celular de la interacción de genes y sus productos de expresión en los sistemas biológicos

bpalmeros@uv.mx

La Diabetes mellitus tipo 2 (DM2) es una enfermedad crónica degenerativa que representa un problema de salud pública a nivel mundial. La Organización Mundial de la Salud (OMS) publicó que hasta Septiembre del 2012 existían 347 millones de diabéticos en el mundo, siendo la DM2 la de mayor prevalencia. En México, la DM2 es una de las primeras causas de muerte en mujeres y hombres; en el estado de Jalisco es la 2ª causa de muertes al año. Hay evidencias que sugieren que la vitamina D (VD) puede participar en la preservación de la tolerancia a la glucosa a través de su efecto sobre la secreción de insulina y la sensibilidad a la misma. La 1,25-dihidroxi vitamina D (1,25(OH) o 2D3), forma activa de la VD, activa directamente la transcripción del gen del receptor de insulina y regula el transporte de glucosa *in vitro*. El receptor de la Vitamina D (VDR) se ha propuesto como candidato para el estudio de la DM2; en humanos, el gen VDR se expresa en el músculo esquelético y tejido adiposo, principales determinantes de la sensibilidad periférica a la insulina. Se observó que ratones con mutaciones en el gen VDR tienen alterada la secreción de insulina y menor tolerancia a la glucosa, a diferencia de ratones con el gen silvestre; VDR regula la mayor parte de los efectos de la VD. Varios polimorfismos de este gen se han examinado por la asociación con DM2 en varias poblaciones. El objetivo de este estudio fue identificar los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), *ApaI* y *TaqI*, del gen VDR en pacientes con DM2 y controles sanos del estado de Jalisco; el análisis molecular o genotipificación se realizó por medio de PCR-RFLP's a partir de DNA genómico extraído de linfocitos.

EVALUACIÓN GENOTÓXICA DE NIÑOS HABITANTES DE ZONAS AGRÍCOLAS DEL NORTE DE SINALOA, A TRAVÉS DE LA CUANTIFICACIÓN DEL ADUCTO 8-HIDROXI-2'-DESOXIGUANOSINA (8-OH-DG) MEDIANTE ELISA

Martínez-Valenzuela C^{1*}, Vázquez Ramírez R¹, Gómez-Arroyo S², Villalobos-Pietrini R², Waliszewski KS³, Kumate Rodríguez J⁴, Calderón-Segura ME², Félix-Gastélum R¹, Romero-Urías C¹, Ortega-Martínez D⁵, Lagarda-Escarrega A¹

¹Instituto de Investigación en Ambiente y Salud, Universidad de Occidente

²Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México

³Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad Veracruzana, Xalapa, México

⁴Fundación IMSS

⁵Colegio de Posgraduados, Campus Puebla

maria.martinezv@udo.mx

La utilización de plaguicidas en el Norte de Sinaloa ha ocasionado que la población infantil que habita en estas zonas se encuentre expuesta crónicamente a distintas concentraciones de estas sustancias, situación que puede originar daños en su información genética. El estrés oxidante y el daño al ADN se han propuesto como mecanismos que vinculan la exposición a plaguicidas con efectos adversos a la salud, encontrando que una de las alteraciones más estudiadas es la formación de la base modificada 8-hidroxi-2'-desoxiguanosina (8-OH-dG). En el presente trabajo se evaluó el daño al ADN a través de la cuantificación del aducto 8-OH-dG mediante ELISA en muestras de orina de niños que habitan en zonas con una marcada actividad agrícola al Norte de Sinaloa; se obtuvieron muestras de 76 niños que viven en la periferia de los campos agrícolas, potencialmente expuestos a plaguicidas y 76 que radican alejados de esta zona y que integraron el grupo no expuesto. La detección de los niveles del aducto 8-OH-dG se realizó mediante el "Kit 8-OH-dG EIA-suero" (Cayman Chemical) para ELISA, se aplicó la prueba *t* de Student y las diferencias fueron estadísticamente significativas entre ambos grupos ($P < 0.001$). Los niños en el rango de 5 a 6 años presentaron los niveles de 8-OH-dG más altos. Se concluye que los niños analizados en la zona Norte de Sinaloa están genotóxicamente afectados por la constante exposición a mezclas de plaguicidas que se aplican en el área de estudio, situación que se refleja por el incremento en las frecuencias del aducto 8-OH-dG, evidenciando la presencia de estrés oxidante sobre el genoma de la población estudiada. Lo anteriormente expuesto pondera la utilización de este biomarcador como un método de evaluación genotóxica destinado a contribuir en el diagnóstico temprano y de esta forma salvaguardar la salud de poblaciones vulnerables por exposición a plaguicidas. **Agradecimientos: a la fundación Gonzalo Río Arronte por el apoyo financiero otorgado para la realización de este trabajo.**



Trabajos libres

Jueves 3, octubre 2013

Sesión 5



EFFECTO DEL INSECTICIDA GUSATIÓN EN *Salmonella typhimurium* CEPAS TA98 Y TA100 TRANSFORMADO POR EL METABOLISMO VEGETAL Y ANIMAL

Cortés-Eslava J¹, Gómez-Arroyo S¹, Teloxa Meneses HS², Gómez Ramírez BM³ y Villalobos-Pietrini R⁴

¹Laboratorio de Genotoxicología Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México. Circuito Exterior Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, México D.F.

²Escuela Nacional Preparatoria No. 2 “Erasmus Castellanos Quinto”

³Escuela Nacional Preparatoria No. 9 “Pedro de Alba”, Universidad Nacional Autónoma de México

⁴Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México

jccortes@atmosfera.unam.mx

La necesidad de altos rendimientos agrícolas en la producción de alimentos requiere de la aplicación de plaguicidas. Desafortunadamente su uso intenso afecta el ambiente y la salud, algunos además pueden transformarse en mutágenos o carcinógenos por sistemas vivos. El ensayo de Ames detecta agentes que provocan mutaciones génicas, emplea cepas de la bacteria *Salmonella typhimurium* dependientes de histidina. Agregándole fracciones microsómicas vegetales o animales puede detectar promutágenos, que son inactivos biológicamente antes de metabolizarse. El objetivo del trabajo fue evaluar el potencial mutagénico de los metabolitos vegetales y animales del insecticida gusatión en *S. typhimurium* cepas TA98 y TA100. Para obtener la fracción S10 de *Vicia faba*, se germinó, maceró, homogeneizó, centrifugó y filtró la raíz en amortiguador de fosfatos de Na 100 μ M, pH=7. La S9 utilizada fue la forma comercial. Las bacterias se sembraron en medio nutritivo, incubando en agitación rotatoria en oscuridad a 37 °C durante 16 horas. Se centrifugó a 4000 x g 5 min a 4 °C, resuspendiendo el botón en amortiguador de fosfatos manteniendo en hielo. En frascos estériles se aplicaron concentraciones crecientes del insecticida (10, 20, 40, 80 y 100 μ g/ μ l), 500 μ l de fracción S9 ó S10 y 100 μ l de suspensión bacteriana de la cepa respectiva aforando a 1000 μ l con amortiguador. Se incubó dos horas en agitación rotatoria en oscuridad y posteriormente en 2 ml de agar de superficie se añadieron 250 μ L de esta mezcla de incubación, se agitó, se sembró por triplicado en agar mínimo y se incubó 48 h a 37 °C. Se registró la reversión inducida. El gusatión aplicado directamente en ambas cepas fue tóxico y no mutagénico. Al agregar las fracciones metabólicas tanto vegetal como animal, disminuyó la toxicidad y pudo observarse el efecto mutagénico, especialmente con los metabolitos vegetales. La NOP y el 2-AF fueron utilizados como testigos positivos para la cepa TA98 y TA100 respectivamente mostrando claramente la eficiencia metabólica de ambas fracciones. La reversión espontánea coincidió con la descrita para ambas cepas. La toxicidad del gusatión y la capacidad del metabolismo para desintoxicar el medio corresponden con estudios previos.

CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA Y FENOTÍPICA DE TRIGOS DENTRO DE LA INICIATIVA MasAgro-Biodiversidad (Seed)

Saint-Pierre C¹, Bonnett D¹, Burgueño J¹, Cortez-Gamboa S⁵, Espinosa-Paz N², Estrada-Campuzano G⁶, Figueroa-López P², Fuentes-Dávila G², Hernández-Muela VM², Ireta-Moreno J², Martínez-Rueda CG⁶, Ortiz-Monasterio I¹, Osorio-Alcalá L², Payne T¹, Peña-Bautista RJ¹, Reynolds M¹, Salinas-García GE¹, Sawers R⁴, Singh P¹, Singh S¹, Soca G¹, Solís-Moya E², Vikram P¹, Villaseñor-Mir HE², Zamora-Villa V³ y Wenzl P^{1*}

¹Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), Edo. de México

²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, INIFAP

³Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Coahuila

⁴Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad, CINVESTAV, Guanajuato

⁵Universidad Politécnica de Francisco I. Madero, Hidalgo

⁶Universidad Autónoma del Estado de México, Edo. de México

csaintpierre@cgiar.org

La Iniciativa MasAgro-Biodiversidad –con el respaldo de la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA) y CIMMYT– tiene como principal objetivo el facilitar el uso de recursos genéticos de colecciones contenidas en bancos de germoplasma, para respaldar a los fitomejoradores en el desarrollo de variedades de alto rendimiento que toleren los efectos del cambio climático y la creciente escasez de recursos naturales. Para el caso del trigo, el proyecto contempla la caracterización genotípica y fenotípica de más de 100,000 accesiones, el desarrollo de herramientas bioinformáticas para el manejo eficiente de la información generada, y la formación de capacidades en estas áreas de investigación. La caracterización genotípica consiste en la generación de perfiles genómicos de alta densidad (~30.000 loci), mediante genotipificación por secuenciación (GBS), una tecnología de punta y bajo costo por dato generado. Los datos genotípicos están siendo utilizados para estudios de diversidad genética, formación de sub-grupos de accesiones representando la máxima diversidad, y análisis de asociación de genoma completo (GWAS) tendientes a identificar regiones genómicas que regulan la expresión de caracteres de importancia agronómica. Paralelamente, las accesiones se evalúan por caracteres agronómicos claves como la tolerancia a la sequía y calor, eficiencia de uso del fósforo, resistencia a enfermedades de la hoja y carbón parcial, resistencia a insectos y parámetros morfológicos y de calidad del grano. Un ejemplo de los grupos de germoplasma evaluados son las líneas criollas de México, las cuales han perdurado en la zona de recolección por mucho tiempo, con alta presión de selección natural y de selección por agricultores, y por ello, se consideran una fuente de adaptación local con alto potencial para su utilización en programas de mejoramiento. Para fines de pre-mejoramiento, se está generando ‘germoplasma puente’, es decir, las accesiones selectas son incluidas en cruzamientos estratégicos con líneas élite. Las líneas endogámicas resultantes estarán disponibles para los programas de mejoramiento locales, para su aprovechamiento como progenitores donadores de caracteres agronómicos favorables. Esto permitirá el rápido desarrollo de variedades de alto rendimiento, que toleren los efectos del cambio climático y posean las características de adaptación local requeridas por los agricultores.

EL CARCINOMA HEPATOCELULAR Y SU ASOCIACIÓN CON EL VIRUS DE LA HEPATITIS B EN PACIENTES DEL ESTADO DE VERACRUZ

Macías-Carballo M¹, García-Román R^{1*}, Montero-Ladrón de Guevara H¹, Palmeros-Sánchez B², Villa-Treviño S³, Pérez-Carreón JI⁴ y Landero-López L⁵

¹Instituto de Salud Pública. Universidad Veracruzana. Av. Luis Castelazo Ayala s/n, Col. Industrial Ánimas. Xalapa, Ver.

²Facultad de Biología. Universidad Veracruzana. Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n. Zona Universitaria. Xalapa, Ver.

³Departamento de Biología Celular. Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional. Av. Instituto Politécnico Nacional 2508, Col. San Pedro Zacatenco, Delegación Gustavo A. Madero, México D.F.

⁴Instituto Nacional de Medicina Genómica. Periférico Sur No. 4809, Col. Arenal Tepepan, Delegación Tlalpan. México, D.F.

⁵Servicio de anatomía patológica. Centro de Especialidades Médicas del Estado de Veracruz, "Dr. Rafael Lucio". Ruiz Cortines # 2903, Colonia Unidad Magisterial. Xalapa, Ver.

rebgarcia@uv.mx

El carcinoma hepatocelular (CHC) constituye la principal neoplasia maligna del hígado. Los factores etiológicos que se consideran con mayor riesgo son las infecciones por el virus de hepatitis B y C (VHB y VHC), que incrementan el riesgo de desarrollar cáncer de hígado. La detección genómica del VHB se considera como el indicador más sensible y específico para su identificación. Aunque el método más utilizado es la prueba serológica para detección de antígeno de superficie (HBsAg), en este estudio se llevó a cabo la técnica de hibridación *in situ* para identificar el gen X y el gen Pol del VHB como factor asociado al CHC en habitantes del Estado de Veracruz. Las biopsias humanas y resecciones quirúrgicas de hígado de pacientes fueron obtenidas del Centro Estatal de Cancerología (CECAN) y del Centro de Especialidades Médicas del Estado de Veracruz (CEMEV). Se efectuó un análisis estadístico-epidemiológicos para determinar dicha asociación. Se revisaron 123 expedientes clínicos de pacientes a los que se les realizó biopsia de hígado. Veintiocho fueron diagnosticadas con CHC, el 21.4% tenía entre 70 y 74 años de edad, el 53.6% corresponde a biopsias de hombres y 46.4% de mujeres. De las pruebas efectuadas en los hospitales, a 3 (10.7%) se les realizó la prueba de HBsAg, negativo para todos. A 7 (25.0%) se les realizó la prueba del marcador tumoral alfafetoproteína (AFP), de los cuales 4 (57.14%) fueron positivos. Analizamos la presencia del gen X y el gen Pol en 18 de las 28 muestras (64.28%) diagnosticadas con CHC. La razón de momios (OR) para determinar si existe una asociación entre el VHB y el CHC fue de 4.17 (IC 95% 1.48 – 11.98), es un resultado estadísticamente significativo y se considera como un factor de riesgo. Uno de los hallazgos más sobresalientes fue la detección de 2 muestras con hepatitis B oculta. Concluimos que hay presencia del ADN-VHB en más del 50% de personas con CHC, además se encontraron casos de hepatitis B oculta nunca antes reportados para el estado. Finalmente se determinó que existe una fuerte asociación entre el VHB y el CHC en pacientes del Estado de Veracruz.

EXPRESIÓN DE LOS GENES DE LA RUTA DE BIOSÍNTESIS DE OLIGOFRUCTANOS EN *Agave spp.* MEDIADA POR ESTÍMULOS BIÓTICOS Y ABIÓTICOS

Suárez-González EM¹, López MG², Délano-Frier JP² y Gómez-Leyva JF^{1*}

¹Instituto Tecnológico de Tlajomulco, Jalisco, Km 10 Carr. a San Miguel Cuyutlán, Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco 45640

²CINVESTAV Campus Guanajuato

jfgleyva@hotmail.com

Los oligofructanos o fructooligosacaridos (FOS) son azúcares derivados de sacarosa, los cuales contienen varias unidades de fructosa y un residuo común de glucosa. Los FOS presentan enlaces β -fructofuranosil, con diferentes grados de polimerización (GP) y ramificación. En plantas, los FOS son sintetizados y almacenados en la vacuola. Su estructura química los hace solubles en agua, por lo cual presentan importantes implicaciones biológicas a nivel celular, como carbohidratos de almacenamiento, así como también en la protección de las plantas en respuesta a estrés biótico y abiótico. En el presente trabajo se identificó la presencia de FOS y se evaluó la expresión de los genes 1-SST (sacarosa:sacarosa 1-fructosiltransferasa) y 1-FFT (fructano:fructano 1-fructosiltransferasa) de la ruta de biosíntesis de oligofructanos en *Agave tequilana* y *A. inaequidens* mediada por estímulos bióticos y abióticos. Se diseñaron oligonucleótidos específicos para los genes que codifican para las enzimas 1-SST y 1-FFT en *Agave spp.* El presente trabajo se desarrolló bajo un modelo de plántulas *in vitro* de *A. tequilana* y *A. inaequidens* sometidas a diferentes tipos de estrés. Se observó una alta correlación en los niveles de expresión del gen 1-SST con la presencia de FOS de bajo GP en tejido de hoja en ambas especies de *Agave*. De igual manera se observó una correlación en los niveles de expresión del gen 1-FFT con la presencia de FOS de alto GP en tejido de tallo en ambas especies de *Agave*. Los tratamientos que presentaron una acumulación significativa de FOS en tejido de tallo de *A. tequilana* fueron los que contenían ácido salicílico a 1 mM, ácido abscísico a 50 μ M, sacarosa al 8% o cinetina a 0.5 mg/L, con FOS de GP 3-8 y >8. Los tratamientos que tuvieron mayor influencia en la síntesis de FOS en tejido de tallo de *A. inaequidens* fueron los de metil jasmonato a 200 μ M, ácido salicílico a 1 mM, sacarosa al 8% y polietilenglicol al 10%. El rendimiento de FOS de los mejores tratamientos en tejido de tallo de *A. tequilana* fue de 13.52 mg/g de tejido fresco, mientras que en *A. inaequidens* fue de 8.85 mg/g de tejido fresco.

Trabajos libres

Jueves 3, octubre 2013

Sesión 6



EFFECTO CITOGENÉTICO Y TOXICOLÓGICO DEL COBRE (Cu^{2+}) EN CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE LA RAÍZ DE *Prosopis juliflora* (SW)

Michel-López CY, González-Mendoza D*, Grimaldo-Juarez O, Ceceña-Duran C y Cervantes Díaz L

Instituto de Ciencias Agrícolas (ICA-UABC). Universidad Autónoma de Baja California.
Laboratorio de Biotecnología Agrícola. Carretera a Delta s/n. C.P. 21705, Ejido Nuevo León,
Mexicali, Baja California, México

daniasaf@gmail.com

El mezquite (*Prosopis juliflora*) es una especie semi-decídua, valorada por su resistencia a sequías, salinidad y a metales como el cobre, el zinc, etc. Desde épocas remotas, ha constituido un recurso valioso para los habitantes de las zonas áridas y semiáridas de México. Juega un papel importante en el ambiente como planta fijadora de nitrógeno y en la recuperación de suelos. Actualmente, la contaminación del suelo por metales se ha convertido en un nuevo desafío para la agricultura. Por su parte, se conoce que diferentes componentes y procesos celulares como el núcleo y la división celular pueden ser afectados por metales. En plantas, la variación cromosómica y sus causas, puede ser determinada por pruebas citogenéticas. Por ello, el objetivo del presente trabajo fue estudiar el efecto citogenético y toxicológico del cobre en meristemas radiculares de semillas de *P. juliflora* (SW) colectadas en el Valle de Mexicali. Se evaluaron un total de 3 concentraciones de cobre ($\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$) (0.10, 10 y 100 mM), con su respectivo testigo negativo (sin metal) con 0, 4, 8 y 12 horas de exposición. Las laminillas se realizaron mediante el aplastamiento del tejido en monocapa ("squash") previamente tratado con solución mitostática de 8-hidroxiquinoleína 0.002M por 4 horas y teñidos con Feulgen y acetoorceína al 2% por 1 hora, finalmente se visualizaron al microscopio. Para el análisis estadístico se aplicó una prueba de Tukey ($p < 0.05$). Los resultados obtenidos en la presente investigación revelan una visión detallada de las características citogenéticas de *P. juliflora* (SW). Se trata de plantas diploides con $2n = 2x = 28$, número que concuerda con algunos de los registros previos en células somáticas de meristemas radiculares para la especie. El número de células en metafase se vio afectado y el índice mitótico se redujo conforme se incrementaba la concentración del metal. El cobre fue capaz de inducir aberraciones cromosómicas, que fueron registradas como cambios en la morfología de los cromosomas, bloqueo en el crecimiento e índice mitótico y alteraciones en la morfología nuclear, determinando con ello la sensibilidad de *P. juliflora* (SW) a la acción genotóxica del cobre en células meristemáticas de la raíz.

SELECCIÓN DE LÍNEAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ DE ORIGEN TROPICAL PARA EL ALTIPLANO POBLANO

López PA*, Gil-Muñoz A, López-Sánchez H, Guerrero-Rodríguez J de D, 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. C.P. 72760

palopez@colpos.mx

La selección y la hibridación son los dos métodos convencionales que permiten la obtención de variedades vegetales mejoradas, con la selección se aprovecha la varianza aditiva presente en las poblaciones vegetales y con la hibridación se aprovecha la heterosis. Se ha señalado que la heterosis se incrementa a medida que los progenitores involucrados en la formación de un híbrido son genéticamente más distantes. El presente estudio tuvo como objetivo la evaluación *per se* de líneas endogámicas de maíz de origen tropical adaptadas a valles altos para su aprovechamiento en la formación de híbridos de cruza simple para el altiplano poblano. El proceso inició con la siembra en valles altos, durante dos ciclos, de la progenie de una línea S_1 de origen tropical; esta progenie fue incrementada mediante cruza fraternal, eliminándose aquellas plantas no adaptadas. Posteriormente se llevaron a cabo dos ciclos más de autofecundación, para obtener 300 líneas S_3 . En 2010 se establecieron tres ensayos en tres localidades del altiplano poblano para evaluar el rendimiento y comportamiento agronómico de las líneas, para ello se formaron tres conjuntos de líneas, cada uno con 99 líneas y la línea S_1 original como testigo. Los diseños experimentales fueron tres látices triples 10×10 , uno por cada conjunto evaluado, sembrándose una repetición por localidad para cada conjunto. Los resultados obtenidos mostraron diferencias estadísticas entre genotipos (líneas) en rendimiento y características agronómicas, para cada conjunto de genotipos evaluados. Los días a floración femenina variaron de 96 a 107, ubicándose como genotipos intermedios. El rendimiento varió desde una producción nula de grano en líneas inadaptadas, hasta 10 t ha^{-1} . Estos resultados demuestran la diversidad existente entre líneas S_3 y el potencial de las mismas para su aprovechamiento en la formación de híbridos de cruza simple, por su alto nivel de rendimiento. Actualmente se están formando los híbridos de cruza simple al cruzar las líneas sobresalientes con dos compuestos élite de un Programa de fitomejoramiento para valles altos; también se está formando una variedad sintética con las 10 líneas superiores. Se espera un nivel alto de heterosis al cruzar genotipos de origen tropical con genotipos de valles altos.

ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DEL PECARÍ DE COLLAR (*Pecari tajacu*), UTILIZANDO MICROSATÉLITES DE CERDO DOMÉSTICO (*Sus scrofa*)

Bautista-Gómez LG^{1*}, Martínez-Castañeda JS², Romero-Núñez C¹ y Aguilera-Reyes U³

¹Centro Universitario UAEM Amecameca, Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia

²Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Salud Animal (CIESA)-FMVZ, Universidad Autónoma del Estado de México (UAEMex)

³Laboratorio de Conducta Animal, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma del Estado de México

lgbautistag@uamex.mx

Las poblaciones de pecarí de collar son endémicas de América y se encuentran distribuidas desde el Sureste de Estados Unidos hasta el Norte de Argentina; está considerada como una de las especies más frecuentemente cazadas en América Latina, también se considera fauna silvestre que se consume como “carne de monte” en las poblaciones locales de las regiones amazónicas, representando una fuente de aporte de proteína de alto valor biológico para los pobladores de estas regiones. Aunque, actualmente la especie no está considerada en peligro de extinción, las poblaciones del sur de México y América Central se encuentran amenazadas, debido a la caza inmoderada, destrucción del hábitat y a la falta de programas de conservación biológica. Por otro lado, la explotación zootécnica de animales de fauna silvestre con fines productivos, es una actividad que cada vez se desarrolla más para el beneficio del sector pecuario y que requiere de una explotación racional para la conservación adecuada de las poblaciones de estos animales. Por lo tanto, programas de reproducción y conservación genética apropiados son altamente valiosos en el manejo de esta actividad emergente. Específicamente, en el pecarí de collar no se han desarrollado estudios sobre las condiciones genéticas de las poblaciones silvestres y en semicautiverio, probablemente, debido a la ausencia de marcadores moleculares que puedan ayudar a realizar estos estudios. Por lo antes expuesto, el objetivo de este estudio fue analizar la variabilidad genética de una población de *P. tajacu* en semicautiverio, a partir de microsatélites de cerdo, para ello, se probaron 13 microsatélites diseñados para la especie mencionada, en una población de pecarí de collar en semicautiverio, del total de microsatélites utilizados, ocho amplificaron exitosamente por PCR; y fueron caracterizados, obteniendo un total de 47 alelos, con una media de 5.3 alelos, por marcador, de esta manera resultaron ser los microsatélites más polimórficos reportados por primera vez en el pecarí de collar, los cuales pueden ser utilizados en estudios de diversidad genética, resaltando que la combinación de los ocho microsatélites permite la identificación de individuos de pecarí de collar.

DIVERSIDAD GENÉTICA MEDIANTE MARCADORES ISSR PARA EL AGAVE MEZCALERO (*Agave americana* cv Chato) DE LA REGIÓN CIENEGA DEL ESTADO DE MICHOACÁN

Puga-Espinoza E¹, Gómez-Leyva JF^{1*}, López-Muraira IG¹ y Leal-Robles AI²

¹Laboratorio de Biología Molecular, Instituto Tecnológico de Tlajomulco, Jalisco. Km. 10 Carr. a San Miguel Cuyutlán. Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco C.P. 45640

²Universidad de la Ciénega del Estado de Michoacán de Ocampo, Av. Universidad 3000, Fraccionamiento Lomas de Universidad. Sahuayo, Michoacán C.P. 59103

jfgleyva@hotmail.com

El género *Agave* es un grupo de plantas muy diverso y endémico del continente americano que se distribuye en Norte, Centro y Sudamérica, con mayor presencia en México, convirtiéndolo en centro de origen y diversificación del grupo. El *Agave americana* cv Chato o Sahuayo se utiliza para la elaboración de mezcal en el estado de Michoacán. La elaboración de esta bebida es sinónimo de diversidad por el total de especies y procesos que se utilizan para la elaboración de esta bebida alcohólica. En este trabajo se determinó la diversidad genética en diferentes especies de agaves mezcaleros, mediante marcadores moleculares ISSRs. Se extrajo DNA de un total de 41 muestras de siete poblaciones de agave. Se utilizaron seis oligonucleótidos ISSRs, los cuales amplificaron un total de 188 loci polimórficos. Mediante análisis bioinformáticos, se encontraron bajos niveles de heterocigosidad (H_e) y polimorfismo (P) entre poblaciones de *Agave americana* cv Chato (H_e :0.045, P :10.64%), *Agave tequilana* (H_e :0.031, P :9.57%), *Agave angustifolia* (H_e :0.085, P :30.85%). Así mismo se realizó un dendrograma generado por el método UPGMA, demostrando seis grupos de los cuales *A. americana* cv Chato se asoció estrechamente con especies relacionadas del grupo de los *Angustifolia*. Basado en las evidencias moleculares se propone reconsiderar la especie de *A. americana* cv Chato por *A. angustifolia* cv Chato. El presente trabajo demuestra que los marcadores ISSRs resultaron ser de gran utilidad para diferenciar poblaciones de agave estrechamente relacionadas por lo que representa una herramienta molecular útil para el estudio de diversidad genética en poblaciones silvestres y cultivadas de agaves. **Proyecto financiado por la Red de Agaváceas del SINAREFI-SNICS.**

Trabajos libres

Jueves 3, octubre 2013

Sesión 7



TRANSCRITOS CODIFICANTES PARA PROTEÍNAS TRANSPORTADORAS DE METALES EN *Solanum elaeagnifolium*

Jiménez-Vega F*, Herrera-Gutiérrez JR y Vargas-Requena CL

Laboratorio de Biotecnología Universidad Autónoma de Ciudad Juárez

fjimenez@uacj.mx

Las plantas son organismos muy susceptibles a la toxicidad por metales pesados y para evitar los efectos de éstos, responden mediante una variedad de mecanismos. La toxicidad de un metal depende de la concentración del ion, del tipo de planta y de la etapa de desarrollo o crecimiento de ésta. La tolerancia a los metales está dada por mecanismos múltiples como unión a la pared celular, transporte activo de iones en la vacuola y formación de complejos con ácidos orgánicos o péptidos. Dentro de los factores más importantes de detoxificación en plantas esta la quelación de metales por proteínas de bajo peso molecular como las metaloproteínas. El presente trabajo tiene como objetivo evaluar la capacidad hiperacumuladora de metales de *S. elaeagnifolium* mediante la identificación y expresión de transcritos codificantes para transportadores de metales. Para ello se diseñaron primers en secuencias conocidas dentro de otras especies de solanáceas, el material genético obtenido a partir de frutos en estadios verde y maduro de la especie de estudio, fue amplificado por RT PCR y cuantificado por densitometría. Se demuestra la presencia de transcritos codificantes para proteínas transportadoras de metales de tipo chaperonas de cobre y proteína unidora de metales, relacionadas con los procesos de detoxificación en *S. elaeagnifolium*. Análisis electroforéticos semicuantitativos indican que la expresión génica de los transcritos es inducible, y se encuentra de forma diferencia entre los diversos tejidos de la planta. Los niveles de expresión para los tres genes fueron: para la chaperona de cobre 1 fue mayormente en hoja, la cual disminuye en número de veces en un orden de 0.78 en fruto amarillo, 0.7 en raíz, 0.3 en tallo, 0.17 en fruto verde; para la chaperona de cobre 2 la expresión se presenta únicamente en fruto, y esta se observa cambiante, siendo mayoritaria la expresión para fruto amarillo y 0.35 veces para verde. Sin embargo para la proteína unidora de metales, la expresión se observa principalmente en hoja y 0.27 veces en raíz con respecto a ésta. Al realizar un alineamiento evolutivo de las secuencias utilizadas para este estudio, podemos observar que se trata de 3 genes codificantes diferentes y que evolutivamente las chaperonas de cobre aunque divergen y solo presentan un 25.1 % de identidad.

ESTUDIO DE LAS FRECUENCIAS DE MICRONÚCLEOS EN SANGRE PERIFÉRICA DE RATÓN CD-1 TRATADOS CON TRIÓXIDO DE CROMO, SULFATO DE TALIO Y PENTÓXIDO DE VANADIO *IN VIVO*

Altamirano-Lozano MA, Montaña-Rodríguez AR, García-Cárdenas GP, Peralta-García P y García-Rodríguez MC*

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN), Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, UNAM. México D.F. Tel. 56230772

carmen.garcia@unam.mx;

La contaminación ambiental por metales pesados potencialmente tóxicos, constituye en la actualidad una preocupación a nivel mundial por los riesgos que conlleva para la salud humana. Se ha observado que una de las vías de inducción de daño genotóxico es mediante el estrés oxidante. Compuestos metálicos como los del cromo hexavalente (Cr [VI]) al atravesar la membrana celular son capaces de reducirse a Cr [III] y producir radicales libres que pueden interaccionar y dañar biomoléculas como las proteínas, los lípidos y al ADN. Mientras que, los compuestos metálicos del talio monovalente (Tl [I]) y del vanadio pentavalente (V [V]) aunque han mostrado efectos tóxicos y citotóxicos, existen pocas evidencias *in vivo* de sus efectos sobre el ADN y de la posible vía de inducción de daño. En el presente estudio se evaluaron los efectos genotóxicos de compuestos del Cr [VI], Tl [I] y V [V], para lo cual se analizaron las frecuencias de micronúcleos (MN) en eritrocitos policromáticos (EPC) de sangre periférica de ratón (CD-1). Grupos de cinco ratones fueron tratados con CrO_3 (20 mg/kg), Tl_2SO_4 (20, 30, 40, 70 y 100 mg/kg) y V_2O_5 (10, 20, 25, 40 y 50 mg/kg). Las muestras de sangre fueron tomadas de la vena caudal a las 0, 24, 48 y 72 horas después de los tratamientos. Los resultados mostraron un incremento significativo en la frecuencia de MN del grupo tratado con CrO_3 , lo que corroboró su daño genotóxico *in vivo*. Sin embargo, los incrementos de MN observados en los grupos tratados con Tl_2SO_4 y V_2O_5 no fueron significativos al compararse con el grupo testigo, salvo en las dosis muy altas que indujeron letalidad en los organismos, lo que sugiere un bajo potencial genotóxico *in vivo* bajo nuestras condiciones de trabajo. Particularmente el Tl_2SO_4 presentó una disminución significativa en las frecuencias de EPC, lo que corrobora su efecto citotóxico. **Proyecto financiado por UNAM mediante la DGAPA, PAPIIT-IN217712.**

CITOTIPOS EN *Agave parviflora* Torr. ssp. *flexiflora* (AGAVACEAE)

Palomino G* y Martínez J

Laboratorio de Citogenética, Jardín Botánico, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. 3er. Circuito Exterior, Ciudad Universitaria 04510, México D.F.

palomino@ib.unam.mx

En Sonora existen 26 especies de *Agave* (Agavaceae). *Agave parviflora* ssp. *flexiflora* es una especie monocárpica distribuida en Sonora y el sureste de Arizona, EUA, en zonas de desierto y pastizal. *A. parviflora* es una especie registrada en CITES (Convención Internacional de comercio en especies amenazadas de flora y fauna) en peligro de extinción ya que se explotó de manera indiscriminada en la elaboración del destilado “Tahuta”. *A. parviflora* es la especie más pequeña de *Agave* presente en el desierto de Sonora-Arizona, su roseta mide 10-25 cm de alto por 15-20 de ancho, su inflorescencia 1-2.5 m de altura. En esta investigación, se informa el tamaño del genoma (2C-ADN) y cariotipo de *Agave parviflora* ssp. *flexiflora* de plantas silvestres, obtenidas por semilla y propagadas por bulbilos. El contenido de ADN se determinó en un citómetro de flujo CYFLOW-Partec. Los núcleos del parénquima foliar del *Agave* y *Zea mays* utilizados como plantas de referencia, se tiñeron con yoduro de propidio. El análisis de los cromosomas se realizó en meristemos radiculares tratados con 8-hidroxiquinoleína y teñidos con Feulgen. Se clasificaron de acuerdo a Levan *et al.*, 1964. El tamaño del genoma (2C-ADN nuclear en picogramos, pg) no fue diferente significativamente en las plantas silvestres (8.21 pg), las de semilla (8.07 pg) y las propagadas por bulbilos (8.21 pg). Todas las plantas fueron diploides $2n=60$ y $x=30$. El análisis cromosómico mostró 3 citotipos estructurales que variaron en la morfología de sus cromosomas. Las plantas silvestres tuvieron un citotipo de $44m+4sm+10st+2t$ y las de semilla de $48m+8st+4t$; el tercer citotipo de $44m+2sm+14st$, se observó en plantas de bulbilos. Los citotipos mostraron un par de cromosomas st con constricción secundaria. Los cambios del tipo de cromosomas en los citotipos, se debieron a mutaciones heterocigóticas espontáneas (translocaciones, deleciones, etc.) que originan citotipos en *A. parviflora* ssp. *flexiflora*. Estas mutaciones se han evidenciado en otras especies de *Agave*.

CONECTIVIDAD GENÉTICA ENTRE ARRECIFES CORALINOS DEL ATLÁNTICO MEXICANO: EL CASO DE LA DAMISELA BICOLOR, *Stegastes partitus*

Villegas Sánchez CA¹, Pérez España H^{*2}, Rivera Madrid R³, Salas Monreal D² y Arias González JE⁴

¹Departamento de Ingeniería Química y Bioquímica, Instituto Tecnológico de Chetumal. Av. Insurgentes No. 330, Col. David Gustavo Gtz, C.P. 77013, Chetumal, Quintana Roo

²Instituto de Ciencias Marinas y Pesquerías, Universidad Veracruzana. Hidalgo No. 617, Col. Río Jamapa, C.P. 94290, Boca del Río, Veracruz

³Unidad de Bioquímica y Biología Molecular de Plantas, Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C. Calle 43 No. 130, Col. Chuburná de Hidalgo, C.P. 97200, Mérida, Yucatán

⁴Departamento de Recursos del Mar, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN, Unidad Mérida. Carr. ant. Progreso km 6, A.P. 73, Cordemex, C.P. 97310, Mérida, Yucatán

hespana@gmail.com

Para que las estrategias de manejo implementadas en arrecifes coralinos sean eficientes, éstas deben basarse en un conocimiento detallado de las dinámicas locales de intercambio biológico. Actualmente es escasa la información disponible sobre los niveles de conectividad del Atlántico Mexicano, sobre todo en lo que respecta al Sistema Arrecifal Veracruzano (SAV), ubicado en el suroeste del Golfo de México. El presente estudio está basado en un muestreo jerárquico orientado a evaluar los niveles de conectividad genética tanto dentro de las regiones arrecifales del Caribe Mexicano (CM) y el SAV, como entre ellas. Todos los arrecifes estudiados pertenecen a áreas marinas protegidas. Como marcadores genéticos se usaron microsátélites, y como modelo biológico se usaron reclutas del pez damisela bicolor (*Stegastes partitus*). El índice pareado de diferenciación genética obtenido a escala regional ($F_{st}=0.011$) fue significativamente distinto de cero, lo cual sugiere cierta restricción al flujo genético. Sin embargo, el resultado del Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) a la misma escala fue no significativo, lo cual plantea la posibilidad de que las restricciones al flujo genético se encuentren dentro de las regiones más que entre ellas. En el SAV se detectó una fuerte restricción al flujo, ya que el arrecife Santiaguillo mostró un relativo aislamiento de sus arrecifes vecinos; de manera similar, en la región del CM el arrecife Puerto Morelos presentó una baja conectividad genética con sus arrecifes cercanos. A pesar de la separación espacial, algunos arrecifes de regiones diferentes (Puerto Morelos y Anegada de Adentro) presentaron las menores, aunque aún significativas, diferencias genéticas, indicando una sutil conectividad genética a escala regional. El complejo patrón de flujo genético detectado probablemente es producto de dos factores: 1) la ausencia de arrecifes intermedios en el Golfo de México, lo cual dificulta el intercambio larval, y 2) las corrientes oceánicas pueden favorecer la conectividad bajo condiciones específicas. Los resultados que aquí se presentan sugieren que el manejo de los arrecifes del Atlántico Mexicano debería basarse en medidas a gran escala que en combinación con acciones a escala local provean una adecuada protección a las poblaciones de peces arrecifales.

Trabajos libres

Jueves 3, octubre 2013

Sesión 8



EVALUACIÓN DEL EFECTO ANTIGENOTÓXICO DE 3 COMPUESTOS ANÁLOGOS DEL ÉSTER FENÉTILICO DEL ÁCIDO CAFEÍCO (CAPE), MEDIANTE EL ENSAYO DE ELECTROFORESIS UNICELULAR EN GEL

Hernández-Calderón MLI¹, Cruz-Vargas L¹, Aguilar-Ramos KL¹, Hernández-Ceruelos M del CA⁴, Ángeles-Anguiano ER², García-Tovar CG³, Villa-Treviño S⁵ y Díaz Barriga-Arceo S^{1*}

¹Laboratorio Genética y Toxicología,

²Laboratorio de Química Medicinal y

³Laboratorio Morfología Veterinaria y Biología Celular de la Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, UNAM. Carretera Cuautitlán-Teoloyucan Km 2.5, San Sebastián Xhala C.P. 54714, Cuautitlán Izcalli, Estado de México

⁴Instituto de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

⁵Laboratorio de Biología Celular CINVESTAV Zacatenco, México D.F.

sadibar@unam.mx

Los compuestos LQM 731, 738 y 755 son análogos amídicos del CAPE, conocidos como compuestos CAPA, con cuyas modificaciones se busca mejorar las propiedades biológicas que éste posee, específicamente las que conciernen a la antigenotoxicidad y quimioprotección. El objetivo del presente trabajo es evaluar la capacidad antigenotóxica de estos compuestos en un modelo *in vivo* mediante el ensayo de electroforesis unicelular en gel (ensayo cometa) en las células hepáticas y renales de ratones CD1 macho, como parte de los estudios pre-clínicos que permitan perfilarlos como agentes quimioprotectores. Para lograr este objetivo se establecieron 7 lotes de trabajo/horario (3 y 18 horas) por compuesto, que contaron con 5 animales cada uno y a los cuales se les administraron los siguientes tratamientos: Lote blanco, sin tratamiento; Control negativo, DMSO (dimetilsulfóxido) al 80%; Control positivo, MMC (Mitomicina C) (2 mg/Kg); Control CAPA dosis 1, LQM a 20 mg/Kg; Control CAPA dosis 2, LQM a 40 mg/Kg; Reto dosis 1, MMC + LQM a 20 mg/Kg; Reto dosis 2, MMC + LQM a 40 mg/Kg. Inicialmente se realizó la prueba de viabilidad celular con margen de 80% para proceder a realizar el ensayo cometa en su versión alcalina pH>13. Se evaluó el momentum de la cauda con el programa Comet Imager 2.0. Los resultados obtenidos exhibieron que, sin bien, los compuestos son ligeramente genotóxicos, el grado de disminución de daño al DNA que éstos mostraron en células hepáticas a la dosis de 20 mg/Kg se encuentra entre el 91.7-60.5% y a la dosis de 40 mg/Kg entre 89.7-39.4%. Mientras que en células renales a 20 mg/Kg el daño disminuye entre un 90.2-45.6% y a 40 mg/Kg se encuentra entre el 88.1-21.5%. En el estudio de daño al DNA a las 18 horas post-administración se encontró en general que el daño causado es mínimo y posiblemente atribuible a los metabolitos de cada tratamiento. En conclusión, la dosis efectiva a la que los 3 compuestos LQM ejercen su efecto antigenotóxico es a 20 mg/Kg y por las propiedades observadas es posible perfilarlos como compuestos quimioprotectores.

CALIDAD ESPERMÁTICA, DAÑO AL ADN Y SU ASOCIACIÓN CON LOS POLIMORFISMOS DE GST EN FLORICULTORES DE VILLA GUERRERO, MÉXICO

Martínez-Luna G¹, Castillo-Cadena J^{1*}, Serment-Guerrero JH² y Valencia-Quintana R³

¹Facultad de Química, Universidad Autónoma del Estado de México, Paseo Colón esq. Paseo Tollocan. C. P. 50120. Toluca, México

²Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares

³Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala

jcastillo_cadena@hotmail.com

En Villa Guerrero, Estado de México el 80% de la población se dedica a la floricultura, aplican plaguicidas todo el año, frecuentemente en mezclas. Varios plaguicidas han mostrado *in vitro* daños reproductivos, tales como baja calidad en el semen, cuentas reducidas de espermatozoides viables y relación directa con abortos espontáneos. Por otro lado, los polimorfismos de la familia de la glutatión S-transferasa (GST), participan en la detoxificación de xenobióticos, tales como los plaguicidas, modulando sus efectos. El objetivo de este estudio fue determinar si la exposición laboral a las mezclas de plaguicidas produce alteraciones en la espermatobioscopía, y su asociación con el daño al ADN y con los polimorfismos GSTT₁ y GSTM₁. Es un estudio transversal, comparativo. Consideró la inclusión voluntaria de floricultores de Villa Guerrero, Estado de México, y de varones de la comunidad universitaria de la UAEM, no expuestos ocupacionalmente a plaguicidas, 30 para cada grupo. Ambos grupos proporcionaron datos generales y laborales y firmaron la carta de consentimiento informado. Para el ensayo cometa se aplicó el método de Hauser modificado, empleando a los espermatozoides como células blanco. Se tomó muestra de sangre para la genotipificación y semen para el ensayo cometa y las espermatobioscopías. Los plaguicidas más empleados fueron: Lannate, Tamaron, Manzate, Agrimec y Furadán, solos o en mezclas. En el grupo expuesto la frecuencia del gen nulo GSTM₁ fue 53% y del 92% para GSTT₁. En el grupo no expuesto, GSTM₁ nulo fue 64% y GSTT₁ nulo 75%, no hubo diferencia significativa. En los floricultores, hubo disminución significativa en el recuento espermático, en la movilidad y en el volumen con respecto al grupo no expuesto. No se encontró daño al ADN en los espermatozoides de ambos grupos. También se probó la capacidad de los plaguicidas de inducir daño directamente al ADN de espermatozoides: se trataron con 3 plaguicidas de manera individual y en mezclas: Tamaron (T, 100 ppm), Lannate (L, 200 ppm) y Manzate (M, 300 ppm). Tres de las 7 combinaciones mostraron daño significativo en los espermatozoides (M, T+M y T+M+L). La exposición ocupacional a plaguicidas afecta la calidad espermática.

DETERMINACIÓN MOLECULAR DE LOS MICROORGANISMOS AISLADOS DE MUESTRAS DE AIRE EN SITIOS ABIERTOS Y CERRADOS DE LA UAM AZCAPOTZALCO

García-Franco F^{1*}, Klériga-Blanco JDI¹, Chávez-Sandoval BE¹, Castañeda-Briones MT¹, Falcón-Briceño MYI¹, Martínez-García M², Campos-Contreras JE², Monsalvo-Reyes AC² y Galindo-Pérez EJ^{1,2**}

¹Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Autónoma Metropolitana-Azcapotzalco (UAM-A). Av. San Pablo #180, Col. Reynosa Tamaulipas. C.P. 02200, México, D.F.

²Facultad de Estudios Superiores-Iztacala, UNAM. Avenida de los Barrios S/N. Los Reyes Iztacala. C.P. 54090, Tlalnepantla, Estado de México

ez_gp553381@hotmail.com
fgf@correo.azc.uam.mx

En la actualidad es de gran importancia evaluar la calidad de los ambientes en donde existe alta afluencia de personas, debido a que están expuestas a una gran variedad de enfermedades respiratorias dependiendo del tiempo de exposición, la cantidad y el tipo de microorganismos presentes. La determinación de estos microorganismos se puede llevar a cabo mediante un estudio aerobiológico de la densidad y caracterizando la variabilidad con técnicas moleculares, estas últimas permiten hacer una identificación precisa de los mismos y a su vez identificar si algunos son patógenos. Es por ello que en el presente trabajo se llevó a cabo un estudio aerobiológico muestreando seis sitios de alta concurrencia poblacional de la UAM-Azcapotzalco. Se realizó la caracterización morfológica macroscópica y microscópica para hongos y bacterias, y se están caracterizando molecularmente para determinar a qué grupos taxonómicos pertenecen. Se encontraron 547 colonias bacterianas y 297 colonias fúngicas. Las mayores densidades de bacterias fueron ubicadas en el comedor ($\mu=22$ UFC/m³) y en la cancha de fútbol ($\mu=48.75$ UFC), mientras que para hongos se observaron en el comedor ($\mu=11.25$ UFC) y la biblioteca ($\mu=20.22$ UFC). Se elaboró un análisis geoespacial para mapearlos niveles de las diferentes densidades microbianas. El análisis estadístico mostró que no hubo diferencias significativas para hongos y bacterias en los diferentes sitios muestreados, sin embargo el análisis geoespacial mostró que existe un gradiente en la densidad microbiana que va de mayor a menor desde las zonas sin vegetación hasta las zonas más densamente pobladas de plantas, y se determinaron molecularmente las especies patógenas o con que pudieran causar un riesgo a las personas que frecuentan estos sitios.

ACTIVIDAD BIOLÓGICA DE LA FLORA DIETARIA CAPRINA EN *Artemia franciscana*

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

Laboratorio de Ecología Evolutiva y Laboratorio de Toxicología Ambiental. Facultad de Biología Xalapa, Universidad Veracruzana. Circuito Universitario Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria. Xalapa, Ver.

jalozaadamx@yahoo.com

La dieta caprina representa una fuente importante de compuestos bioactivos que se incorporan a la leche y sus derivados, por lo tanto pueden ser consumidos finalmente por el ser humano. Por ello es necesario evaluar si las plantas consumidas por las cabras alimentadas en libre ramoneo representan ser un riesgo. Para ello se evaluó el efecto tóxico en *Artemia franciscana*, la cual resulta ser un modelo adecuado para medir la toxicidad de compuestos naturales ya que su baja resistencia a estos es muy parecida a la del modelo de células *in vitro*. En este sentido se estimó el efecto tóxico de extractos etanólicos de las plantas forrajeras registradas en la comunidad de Tlalchy, Municipio de Ixhuacán de los Reyes, Veracruz, en náuplios de *A. franciscana* de 72 horas de desarrollo. Las concentraciones probadas fueron 0, 1, 10, 100 y 1000 µg/ml, el ensayo se realizó a $32\text{ }^{\circ}\text{C} \pm 2$, por 24 horas de exposición. Además, los extractos probados fueron sometidos a un análisis fitoquímico preliminar. Las especies que mostraron mayor toxicidad previamente, fueron seleccionadas para evaluar su efecto genotóxico mediante el ensayo de DNA en escalera. Los primeros resultados arrojaron que la mayoría de las especies vegetales identificadas y evaluadas no presentaron toxicidad elevada, en cambio pocas especies si mostraron efecto en *A. franciscana*. La caracterización fitoquímica preliminar, dio como positivo la presencia de flavonoides, alcaloides y triterpenos y/o esteroides. Se concluye que la mayoría de las plantas que constituyen la dieta de las cabras no son tóxicas para *A. franciscana*.

Carteles
Sesión 2

Jueves 3, octubre 2013



GENOTIPOS COMBINADOS -509CT/869TC DEL GEN $\text{tgf-}\beta_1$ EN PACIENTES CON PREECLAMPSIA

Salas-Pacheco JM, Vázquez-Alaníz F, Salvador-Moysén J y Aguilar-Durán M*

Instituto de Investigación Científica, Universidad Juárez del Estado de Durango

aguilarduran_marisela@hotmail.com

La preeclampsia es un desorden multisistémico que forma parte del espectro de Enfermedades Hipertensivas del Embarazo; sus mayores incidencias se presentan en países en vías de desarrollo y es factor de morbi-mortalidad materna y perinatal. El Factor de Crecimiento Transformante β_1 (TGF- β_1) es una citosina multifuncional producida en el embarazo principalmente por células trofoblásticas implicada en la regulación de su invasión, proliferación y diferenciación. Los niveles plasmáticos de esta citosina se encuentran elevados en embarazos con preeclampsia. Con la finalidad de determinar el riesgo de preeclampsia por los genotipos combinados -509CT/869TC del gen $\text{tgf-}\beta_1$ en mujeres con preeclampsia del Hospital General "C" de la Secretaría de Salud en Durango, Durango, se reclutaron 49 mujeres preeclámpicas y se parearon por edad cronológica y gestacional con 100 controles normoevolutivos. Previo consentimiento informado, se tomó una muestra de sangre venosa anticoagulada a las participantes para la extracción de ADN. Los polimorfismos fueron genotipificados por PCR tiempo real. El rango etario de las participantes fue 13 a 24 años, el de edad gestacional fue de 30 a 41.2 semanas. Para el grupo de casos el SNP -509C/T el alelo menor fue T con una frecuencia de .479 y en los controles ambos alelos (C/T) tuvieron la misma frecuencia (.5). Para el SNP 869T/C en el grupo de casos el alelo menor fue C con frecuencia .48 y en los controles fue T con .45. Ambos SNPs estuvieron en Equilibrio de Hardy-Weinberg. Se encontraron los nueve genotipos combinados posibles; el más frecuente para ambos grupos fue el doble heterocigoto -509CT/869TC, con frecuencia de .265 en los casos y .25 en controles; para los casos le sigue el genotipo combinado -509CT/869TT (.184) y en controles el -509TT/869CC (.15). Mediante un modelo de regresión logística ajustado por edad, el genotipo combinado -509CT/869TC se asoció significativamente con riesgo incrementado de preeclampsia (OR 1.334, IC 95% 1.024-1.765). El genotipo combinado -509CC/869CC mostró una fuerte tendencia de asociación, pero no significativa (OR 2.202, IC 95% 0.983-4.937). No existen en la literatura estudios de la asociación de los genotipos combinados de los SNPs -509C/T y 869T/C del gen TGF- β_1 con preeclampsia.

FRECUENCIA DE MICRONÚCLEOS EN RETICULOCITOS Y ERITROCITOS DE RATAS CON DESNUTRICIÓN MODERADA

Pacheco Martínez MM^{1,3}, Cervantes Ríos E¹, García Rodríguez C² y Ortiz Muñiz R^{1*}

¹Laboratorio 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. San Rafael Atlixco No. 186, Col. Vicentina, Iztapalapa, 09340, México

²Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental. Bioterio Facultad de Estudios Superiores Zaragoza Campus II., Universidad Nacional Autónoma de México. Batalla 5 de mayo s/n Esquina Fuerte de Loreto Col. Ejército de Oriente, México D.F.

³Programa de Posgrado en Biología Experimental Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa (Doctorado)

arom@xanum.uam.mx

Los estudios citogenéticos sobre los efectos de la desnutrición (DES) en modelos de experimentación, proporcionan información básica que permite obtener un mejor entendimiento acerca de este padecimiento. Los micronúcleos (MN) se presentan en células en división cuando termina la división. Los MN se forman durante la división celular. El ensayo de MN *in vivo* es utilizado para detectar la acción genotóxica de agentes químicos, físicos y biológicos. El objetivo de este estudio fue evaluar la frecuencia de MN en un modelo de DES moderada *in vivo*. Para evaluar si la DES moderada favorece la susceptibilidad al incremento en la frecuencia de MN, se usaron ratas machos de cepa Wistar, al día 14 de edad, se agruparon en bien nutridos (BN) y con desnutrición moderada (DN). Se tomaron muestras de sangre de la vena caudal cada 7 días hasta los 30 días de edad. La detección de MN, se determinó mediante el análisis de reticulocitos con micronúcleo (RET-MN) y eritrocitos con micronúcleo (E-MN) por citometría de flujo. Los resultados de la frecuencia de MN-RET fue 0.49 ± 0.24 (tiempo 1), 0.26 ± 0.13 (tiempo 2) y 0.36 ± 0.17 (tiempo 3) en el grupo BN. En el caso del grupo DN, 2.92 ± 0.82 , 1.53 ± 0.93 y 1.65 ± 0.86 en cada tiempo, respectivamente. Los resultados muestran que la frecuencia de RET-MN fue significativamente mayor ($p \leq 0.05$), en el grupo DN en comparación con el BN al tiempo 1 (14 días de edad); mientras que en los tiempos 2 y 3 no se presentaron diferencias significativas. En las frecuencias de E-MN los resultados que se obtuvieron en el grupo BN fueron 0.24 ± 0.11 , 0.16 ± 0.08 y 0.09 ± 0.02 , respectivamente; en el grupo DN 0.71 ± 0.7 , 0.31 ± 0.27 y 0.32 ± 0.13 , no se presentaron diferencias significativas en los tres tiempos evaluados; sin embargo, la frecuencia de MN-E tiende a ser mayor en el grupo DN. Los resultados muestran que el porcentaje de MN es mayor en ambas poblaciones celulares provenientes de los grupos DN, estos datos indican que los organismos con DES son más susceptibles al daño genotóxico producido por la falta de nutrientes y este daño puede producir efectos negativos en el individuo. **Agradecemos al CONACyT el apoyo brindado 351641.**

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE LOS MICROORGANISMOS *Aspergillus sp.* Y *Achlya sp.*, PARA EL DISEÑO DE SONDAS ESPECÍFICAS EN GENOSENSORES

Chávez-Sandoval BE^{1*}, Castañeda-Briones MT^{1**}, García-Franco F¹, Martínez-García M², Campos-Contreras JE², Alvarado-Vanegas S¹, Galindo-Pérez EJ^{1,2} y Rosas Osorio JC²

¹Laboratorio de Microbiología Ambiental, Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Autónoma Metropolitana-Azcapotzalco, Av. San Pablo No 180, Col. Reynosa Tamaulipas, Del. Azcapotzalco, México D.F. C.P. 02200

²Laboratorio de Bioquímica Molecular, Facultad de Estudios Superiores-Iztacala, UNAM. Av. de los Barrios, col. Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla Estado de México. C.P. 54090

blanchavez29@gmail.com

tcb@correo.azc.uam.mx

La identificación de microorganismos basada en métodos moleculares es una herramienta fundamental en todos los laboratorios que requieren de la identificación y clasificación de éstos, ya que mediante otro tipo de técnicas generalmente se requiere de mucho tiempo y es laborioso. En este trabajo se realizó la identificación de dos microorganismos: *Aspergillus sp.* y *Achlya sp.*, obtenidos de muestras ambientales. *Aspergillus sp.*, fue aislado de muestras de composta con aceite automotriz usado, *Achlya sp.*, se obtuvo de muestras de los canales de Xochimilco. Para su identificación se utilizaron las técnicas de PCR, secuenciación y comparación bioinformática de la secuencia, con la base de datos GenBank. Los resultados indican que se tiene *Aspergillus niger* con un 99% de identidad, mientras que para *Achlya sp.* se ha obtenido una muestra con aproximadamente 150 bases con 85% de identidad. Las sondas específicas diseñadas con el programa Primer-Blast, se sintetizaron y se utilizaron en genosensores con nanopartículas de oro (AuNPs) como marca. La secuencia de la sonda para *Achlya sp.* es: 5' GCACCGGAAGTACAG ACCAA 3' para *Aspergillus niger*: 5' GTATGCGAGCTCCTAGCCTG 3'. Estas sondas fueron funcionalizadas con las AuNPs mediante el sistema estreptavidina-biotina y realizó hibridación, la cual fue detectada electroquímicamente por lo que los genosensores desarrollados son una excelente herramienta en la rápida detección de los microorganismos analizados y si se producen a gran escala pueden llegar a ser de bajo costo, portátiles y sencillos de manejar.

EXPRESIÓN DEL GEN KISS₁ A PARTIR DE ANÁLISIS *IN SILICO* Y EN TEJIDO DE CÁNCER CÉRVICOUTERINO

Taniguchi-Ponciano K, Marrero-Rodríguez D, Muñoz N, Arreola H, Romero-Morelos P, López-Sleman J, Huerta-Padilla V, Guzmán-Ortiz L, Paniagua L, Ortiz-León J, Serna-Reyna LH, Gómez-Gutiérrez G, López-Romero R y Salcedo M*

Laboratorio de Oncología Genómica, Hospital de Oncología, Centro Médico Nacional Siglo XXI. Av. Cuauhtémoc 330, Doctores, 06720, México D.F.

maosal89@yahoo.com

El avance de la bioinformática ha ido incrementando a través de los años, y gracias a estos avances junto con nuevas técnicas se han logrado identificar y estudiar algunos genes relacionados al cáncer. Dentro de estos avances están los microarreglos de expresión y el análisis serial de expresión de genes (SAGE), la cual es la única técnica hasta el momento donde se pueden cuantificar los mRNAs presentes en un tejido. Para poder realizar lo anterior se hizo un análisis *in silico* con 2 librerías de SAGE de cérvix con lesión de alto grado (NIC III) y 3 librerías de tejido normal de cérvix. Posteriormente se realizó un análisis con librerías de microarreglos de cáncer cérvicouterino (Cacu) y cérvix normal. Lo que se pretendió con estos análisis fue buscar genes que no estuvieran en el tejido normal pero si en el tejido de Cacu, para así poder estudiar posibles genes que nos servirán de marcadores moleculares. Uno de los genes identificados con estas técnicas fue el gen Kiss₁, el cual es conocido como supresor de metástasis y se encuentra en el cromosoma 1q32. Se ha visto en melanomas y algunos carcinomas, Kiss₁ tiene actividad de supresor de la metástasis sin afectar la tumorigenicidad y se quiso estudiar este mismo gen en el tejido de Cacu. Por lo que se prosiguió a la parte experimental con muestras de tejido de cáncer de cérvix. Se extrajo el RNA de 20 muestras de CaCu con trizol y se utilizaron columnas para tener una buena pureza y se sintetizó cDNA para posteriormente realizar la RT-PCR para poder observar la expresión de Kiss₁ en Cacu. Los resultados mostraron que Kiss₁ se expresa en todas las muestras de Cacu. La intensidad de las bandas es diferente pero en todas las muestras se observa la amplificación de Kiss₁.

ANÁLISIS DEL DNA MITOCONDRIAL EN POBLACIONES MAYAS DE LA PENÍNSULA DE YUCATÁN

Pineda Vázquez D¹, González Oliver A^{1*}, Pérez Martínez M¹, Garfias Morales E¹, De la Cruz Laina MI¹, Canul Montañez ME², Ortega Muñoz A² y Torre Blanco A¹

¹Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F. 04510

²Centro Instituto Nacional de Antropología e Historia de Quintana Roo, México. Quintana Roo. 77025

goliver@unam.mx

El DNA mitocondrial (mtDNA) se hereda exclusivamente por vía materna sin sufrir recombinación genética durante la meiosis, por lo cual es muy utilizado para estudiar relaciones de ancestro-descendencia. Los análisis de la variación del mtDNA han mostrado que los nativos americanos pertenecen a uno de los cinco haplogrupos o linajes maternos denominados A, B, C, D, y X, que se caracterizan por mutaciones específicas. Los haplogrupos pueden ser específicos de las poblaciones o de familias lingüísticas, por lo que permiten caracterizar poblaciones. En este estudio determinamos las frecuencias de los haplogrupos del mtDNA en 69 individuos mayas de 6 localidades del estado de Quintana Roo. Los resultados obtenidos muestran que el 75.4% de los individuos pertenecen al linaje A, 5.6% al B, 11.6% C y 7.2% al D. Previamente hemos estudiado otras poblaciones mayas modernas de Yucatán y Chiapas, y mayas antiguos del periodo prehispánico, y de la época colonial (siglos XVI-XVII) del sitio de Xcaret, Quintana Roo. La comparación de las frecuencias de los cuatro linajes A, B, C y D del mtDNA muestra que el linaje A es el más frecuente en todas las poblaciones mayas y en otras poblaciones indígenas de México. Los linajes A, B, y C están presentes en los mayas del periodo prehispánico, del colonial y en los contemporáneos de Q.R. siendo el linaje C el segundo más frecuente y luego el linaje B con frecuencias bajas en los 3 grupos mayas. El linaje D solamente se encuentra en los mayas del periodo colonial y los modernos de Q.R. Por otra parte, el linaje B es el segundo más frecuente en otras poblaciones mayas contemporáneas citadas en la bibliografía. Los resultados de las frecuencias de los haplogrupos del mtDNA sugieren una continuidad genética en las poblaciones mayas antiguas y modernas del estado de Quintana Roo.

PRUEBAS DE CITOTOXICIDAD DEL EXTRACTO ACUOSO DE *Cucurbita ficifolia* BOUCHÉ EN CULTIVOS DE LINFOCITOS HUMANOS

Mejía CW, López TBP, Rodríguez EAK, Blancas FG* y Alarcón AF

Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Iztapalapa.
Av. San Rafael Atlixco # 186. Col. Vicentina Iztapalapa, D.F. C.P. 09340

wm2903@gmail.com

Cucurbita ficifolia Bouché conocida como chilacayote, del náhuatl “tzilicayotli”, es una planta que se ha utilizado en la cocina mexicana. En un estudio realizado sobre plantas medicinales se encontró que tiene efecto hipoglucémico en ratones diabetizados experimentalmente por lo que se consideró que podía ser una alternativa para el tratamiento de diabetes mellitus. Para conocer si el extracto acuoso del fruto maduro de *C. ficifolia* tiene efecto citotóxico en linfocitos humanos se llevó a cabo lo siguiente. Se cultivaron linfocitos de sangre periférica de tres donadores jóvenes, sanos sin adicciones, los tubos se incubaron durante 72 h a 37°C. Transcurridas las primeras 24 horas de cultivo, de cada donador, se formaron cuatro lotes: tres experimentales y un testigo, con seis tubos cada uno. Los primeros se expusieron al extracto en las concentraciones finales de 1, 10 y 100 µg/mL durante 48 horas. El ensayo del MTT se realizó con la mitad de los cultivos de cada lote y se registró la absorbencia del producto resultante de la reacción en una longitud de onda de 545 nm. Con los cultivos restantes se determinó el índice mitótico (IM) tomando en cuenta 6000 células por lote de cada donador. Los resultados muestran que las células sobreviven a la presencia del extracto, la actividad mitocondrial no se altera y, además, se conserva su capacidad de proliferar. Sin embargo, en los cultivos de uno de los donadores se encontraron células poliploides en el lote expuesto a la concentración más elevada. Además de la diferente sensibilidad de los individuos a un mismo estímulo, este dato sugiere que posiblemente uno de los componentes del extracto pudiera ser genotóxico, por lo que se sugiere realizar las pruebas correspondientes para confirmar su inocuidad.

ESTANDARIZACIÓN DE LA DISMINUCIÓN DEL FACTOR DE TRANSCRIPCIÓN *NURR1* EN UN MODELO DE ESTRÉS PRENATAL

Montes P, Rojas Castañeda P* y Ruiz Sánchez E

Laboratorio de Neurotoxicología, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, “Manuel Velasco Suárez”. Av. Insurgentes Sur No. 3877, C.P. 14269, México, D.F.

prcastane@hotmail.com

La exposición a estrés en el periodo prenatal altera el desarrollo del cerebro, así como al factor de transcripción *Nurr1*. El gen *Nurr1* miembro de la superfamilia de receptores nucleares huérfanos actúa como un factor de transcripción, esencial para el desarrollo y mantenimiento de las neuronas dopaminérgicas en el estado adulto. Nosotros hemos reportado que en ratones C-57/6J sometidos a estrés, incrementa rápidamente la expresión de *Nurr1* en el hipocampo. El objetivo de este trabajo fue estandarizar un modelo de disminución de *Nurr1*, *in vivo*, en el estrés prenatal. Para lograr dicho objetivo, se obtuvieron ratas Wistar adultas gestantes que fueron sometidas a estrés por restricción de movimiento. Así, se obtuvieron neonatos con estrés prenatal y sus respectivos controles no estresados. Noventa días después, a estos animales se les implantó una cánula guía hacia el hipocampo a través de procedimientos estereotáxicos. Después de siete días de recuperación, se les administró el oligonucleótido antisentido (o su control scrambled) para el gen *Nurr1* y así disminuir la expresión de dicho gen. Los animales fueron sacrificados a una hora o a tres horas para determinar el tiempo óptimo en el que se presenta la reducción de la expresión del RNA mensajero. Se extrajo el cerebro y se realizó la disección del hipocampo. A partir de las muestras de hipocampo se extrajo el RNA mensajero y se realizó la técnica de qRT-PCR para evaluar el nivel de expresión del gen *Nurr1*. Los resultados obtenidos demuestran que en los animales a los que se les administró el oligonucleótido antisentido y que fueron sacrificados después de una hora, el nivel de expresión de *Nurr1* se encuentra reducido (25%) con respecto a los animales control. En los animales sacrificados después de tres horas no se observó esta disminución. La estandarización en la disminución de *Nurr1* permitirá dilucidar la participación de este gen en el desarrollo de alteraciones psiquiátricas como la depresión y la ansiedad en individuos sometidos a estrés prenatal. **Proyecto parcialmente apoyado por CONACYT-CB-2008-01, No. 106619.**

MODULACIÓN DEL ESTRÉS OXIDANTE INDUCIDO POR LA CASIOPEÍNA® (CAS II-GLY) Y RADIACIÓN GAMMA MEDIADO POR TETRAPIRROLES EN *Drosophila melanogaster*

Jiménez-Vega ER, Pimentel-Peñaloza E*, Cruces-Martínez MP y Suarez-Contreras H

Laboratorio de Genética de *Drosophila*, Departamento de Biología, ININ

emilio.pimentel@inin.gov.mx

Las casiopeínas® son un grupo de compuestos de coordinación con centro metálico de cobre que han mostrado tener actividad antineoplásica. Las evidencias experimentales sugieren que su mecanismo de acción es a través de la generación de radicales libres. Se ha propuesto que la casiopeína (Cas II-gly) provoca daño oxidante en la mitocondria lo que conduce a la muerte celular. El presente estudio tiene como fin evaluar el potencial antioxidante de los tetrapirroles: clorofilina cuprosódica (CCS), protoporfirina-IX (PP-IX) y la bilirrubina (Bili). Para tal fin se cuantificó el efecto de estos compuesto en la actividad de las enzimas, superóxido dismutasa (Sod) y catalasa (Cat) en las cepas de *D. melanogaster* silvestre Canton-S (CS) y en las deficientes en Sod y Cat. Se utilizaron dos protocolos, en el primero se pretrataron machos de 1-24 h de edad con 0, 0.01, 0.1 y 1 mM de Cas II-gly y posteriormente se trataron con 15 Gy de radiación gamma, y en el segundo se pretrataron machos de 1-24 h de edad con 69 mM de CCS, PP-IX o Bili, durante 8 días y después se trataron con 0.1 mM de Cas II-gly durante 24 h. La actividad enzimática se midió con los paquetes de detección de las enzimas Sod y Cat de Sigma. Se encontró que ninguno de los tres pigmentos incrementó la actividad de Sod pero, sí disminuyeron la de Cat ($p \leq 0.007$). Las tres concentraciones de Cas II-gly incrementaron la actividad de Sod aunque no significativamente, mientras que solamente la concentración de 0.1 mM disminuyó en 5.6 U la actividad de Cat ($p < 0.03$) al igual que el tratamiento con 15 Gy de rayos gamma (8 U, $p < 0.004$). La combinación de Cas 0.1 mM con los pigmentos no modificó la actividad de Sod ni de Cat. Estos resultados sugieren que los pigmentos probados actúan como antioxidantes evitando la inducción de antioxidantes endógenos provocados por los rayos gamma o la Cas II-gly.

CAMBIOS EN EL NÚMERO MÍNIMO DE ESPECIES DE HMA POR EFECTO DE LA PERTURBACIÓN EN SUELOS DE DUNAS COSTERAS DE LA RESERVA DE LA BIOSFERA “RÍA LAGARTOS”, YUCATÁN, MÉXICO

Mendizabal-Cortés E², Armas-Tizapantzi A¹, Ortega-Avila R², Acosta Tlapalamatl M², Montiel-González AM^{1*}, Hernández-Cuevas LV¹, Estrada-Torres A¹, Salinas ELA¹ y Ramos-Zapata JA³

¹Centro de Investigación en Ciencias Biológicas y Postgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km 10.5 Aut. San Martín Texmelucan-Tlaxcala, San Felipe Ixtacuixtla 90120, Tlaxcala.

²Facultad de Agrobiología, Licenciatura en Biología. UATx.

³Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Autónoma de Yucatán.

amonicamg@yahoo.com

Generar información sobre la biodiversidad y el impacto que la perturbación ejerce sobre ella en Áreas Naturales Protegidas (ANP) es imprescindible para conocer sus recursos, manejarlos y proyectarlos hacia potenciales de utilización sostenibles. La evaluación de la diversidad de hongos micorrizógenos arbusculares (HMA) podría generar información sobre el curso de los cambios que afectan a los ecosistemas de las ANP, debido a la importancia de estos hongos para las plantas. En este estudio se evaluó el número mínimo de especies de HMA, expresadas como amplicones de la región ITS del rDNA, en suelos rizosféricos de plantas de dunas costeras conservadas y perturbadas, de la Reserva de la Biosfera “Ría Lagartos”, Yucatán, México. Se trabajaron 16 muestras de suelo rizosférico de seis cuadrantes, tres en dunas conservadas y tres en perturbadas; paralelamente se extrajeron esporas de HMA y se determinaron las especies por morfología. Posterior a la extracción del ADN total de las muestras, se amplificó la región ITS con los primers ITS1 e ITS4 reportados como apropiados para HMA. Los amplicones resultantes de cada muestra fueron resueltos mediante electroforesis en geles de agarosa al 1.5%. De acuerdo con el peso molecular de las bandas representadas en los geles se obtuvieron los tamaños y las frecuencias de aparición de bandas del mismo tamaño, que potencialmente representan a una especie de HMA como mínimo. Los resultados de los perfiles de bandeo para dunas conservadas muestran bandas desde 500 hasta 1400 pb aproximadamente, predominando las de 730 pb, presentes hasta en 25 de 48 muestras. En el caso de las dunas perturbadas, los perfiles de bandeo muestran bandas desde 455 hasta 1400 pb, predominando bandas de 730 pb, presentes en 15 muestras. Se observó un efecto negativo de la perturbación sobre el perfil de bandeo de los ITS. Por los tamaños obtenidos se espera encontrar géneros como *Glomus* y *Ambispora*. En contraste, mediante la identificación morfológica se determinó la presencia de los géneros *Acaulospora*, *Scutellospora* y *Glomus sensu lato*, presentándose el mayor número de especies en dunas perturbadas.

POLIMORFISMOS EN GENES DEL PROCESAMIENTO DE APP Y SU ASOCIACIÓN CON LA ENFERMEDAD DE ALZHEIMER TIPO ESPORÁDICO

Mena Montes B¹, Rosas Carrasco O¹, Maury Rosillo ME¹, Toral Ríos D², Franco Bocanegra D²,
Mena Barranco F³, Meraz Ríos MA^{4*} y Campos Peña V^{2*}

¹Instituto Nacional de Geriátria

²Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía "Manuel Velasco Suarez"

³Hospital Regional de Alta Especialidad Ixtapaluca

⁴Departamento de Biomedicina Molecular. Centro de Investigación y Estudios Avanzados del IPN

neurovcp@ymail.com

mmeraz@cinvestav.mx

La enfermedad de Alzheimer (EA) es la causa más común de demencia en la población de adultos mayores. Hasta el día de hoy, el diagnóstico sigue siendo post-mortem, donde histológicamente la EA se caracteriza por la presencia de marañas neurofibrilares formadas por la proteína Tau y placas neuríticas, formadas por β -amiloide ($A\beta$). $A\beta$ se genera a partir del procesamiento proteolítico de A β PP (una glicoproteína transmembranal de tipo 1) por la acción secuencial de β - y γ -secretasas. β -secretasa o BACE1 corta a A β PP entre los residuos Met671 y Asp672. γ -secretasa es un complejo macromolecular formado por Presenilina 1 (PS1) o Presenilina 2 (PS2), Aph1, Pen-2, y Nicastrina. Los péptidos liberados varían de 39-42 residuos de aminoácidos. Actualmente existen reportados en la literatura, polimorfismos de cambio en un solo nucleótido (SNP) en los genes que codifican para estas proteínas, y que ha sido asociados con el desarrollo de la EA en diversas poblaciones alrededor del mundo. En nuestro grupo, hemos realizado el análisis de 18 polimorfismos en genes relacionados con el procesamiento de A β PP, en un grupo de adultos mayores de México diagnosticados clínicamente con EA y un grupo control sin datos de demencia. Los ensayos de genotipificación se realizaron empleando sondas Taqman a través de PCR en tiempo real. Los resultados preliminares revelaron una asociación significativa del alelo A localizado en la región 5'UTR del gene de Nicastrina (NCSTN), en pacientes mexicanos con enfermedad de Alzheimer de tipo esporádico ($p=0.02271$). El análisis multilocus permitió identificar la presencia de 5 combinaciones multilocus sobrerrepresentadas en el grupo de pacientes y una combinación multilocus presente en el grupo control. Estos resultados nos sugieren que estos marcadores podrían ser candidatos efectivos para ser empleados como marcadores de riesgo en la asociación genotipo-fenotipo en la enfermedad de Alzheimer.

FICOFLORA DE ZAPOTITLÁN SALINAS, VALLE DE TEHUACÁN, PUEBLA

García-Hernández A, Martínez-García M*, Garduño Solórzano G, Campos Contreras J,
Monsalvo Reyes A y Quintanar Zúñiga RE

Laboratorio de Bioquímica Molecular, Laboratorio de Fisiología Vegetal, UBIPRO y Herbario IZTA, Facultad de Estudios Superiores, Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, Avenida de los Barrios no. 1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, C.P. 54090

marmartinezgar@hotmail.com

La biodiversidad de algas continentales en México registra 3,256 especies. Durante varias décadas la ficoflora de la región semiárida de Zapotitlán Salinas, ha sido investigada a través de estudios taxonómicos tradicionales, hasta el momento se conocen 295 especies. Estos ambientes extremos son importantes por la alta diversidad que presentan y por su elevado número de endemismo. Por ejemplo, las Cyanoprokaryota que viven asociadas con otros organismos, desarrollan costras biológicas que pueden llegar a cubrir hasta 70% de la superficie y con ello contribuyen a la fertilidad del suelo. El presente trabajo aborda, con un enfoque polifásico, la ficoflora y el estudio de algunas Cyanoprokaryota del valle de Zapotitlán Salinas a partir de cultivos monoalgales. El material biológico fue obtenido a partir de cuatro exploraciones ficológicas (2011-2012), de donde se aislaron por plaqueo en medio BG11 sólido los organismos seleccionados. Una parte de las algas se utilizaron para determinar la secuencia parcial del gen 16S y regiones espaciadoras, para fortalecer la determinación taxonómica de las Cyanoprokaryota. Asimismo, otra parte del material fue preservado para formar parte de la colección de referencia. Los resultados señalan 41 taxa, 14 corresponden a Cyanoprokaryota, 15 a Chlorophyta, 1 a Xantophyta y 11 a Bacillariophyta. Se obtuvieron 6 nuevos registros para la zona: *Spirulina* sp., *Zygnema* sp., *Nitella flexilis*, *Ulnaria ulna*, *Chara hispida* y *Gomphonema vibrioides*. Para las especies de Bacillariophyta se apoyó su determinación con microscopía electrónica de barrido (MEB). Según los parámetros físicoquímicos registrados las condiciones fueron alcalinas con nitratos, amonio y ortofosfatos de 0.065, 0.82 y 0.41 mg/L respectivamente. Se obtuvieron las secuencias del gen 16S de dos especies aisladas, las cuales se compararon con las indicadas en NCBI, y se presenta el árbol filogenético obtenido mediante análisis Bayesiano. Esta contribución es la primera en su tipo, que aborda las especies de Cyanoprokaryota del área de estudio con un enfoque polifásico.

VARIACIÓN GENÉTICA DE *Asclepias contrayerba* SESSÉ & MOC. (APOCYNACEAE: ASCLEPIADOIDEAE)

Gutiérrez Cisneros R¹, Meza Meneses M¹, Martínez y Pérez JL^{2*}, González Astorga J³ y Montiel González AM²

¹Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Av. Himno Nacional s/n. Ixtacuixtla, Tlax. C.P. 90120

²Laboratorio de Biología Molecular, Centro de Investigación en Ciencias Biológicas y Postgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Av. Himno Nacional s/n. Ixtacuixtla, Tlax. C.P. 90120

³Departamento de Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, A.C. Carretera Antigua a Coatepec No. 351. Col. El Haya. Xalapa, Ver. C.P. 91070

jlmarpe@hotmail.com

Asclepias contrayerba es una de las 250 especies conocidas para el género, la cual presenta su mayor distribución en el centro, noroeste y suroeste de México, con importancia local en la medicina tradicional por sus propiedades atribuidas, debido a que presenta precursores del ácido acetilsalicílico en la raíz, la cual es obtenida aún de individuos jóvenes. El interés de este trabajo es conocer la variación genética dentro y entre poblaciones de esta especie y relacionar si el uso tradicional tiene algún efecto sobre ella. Se recolectaron y conservaron en nitrógeno líquido cinco hojas de 17 individuos de una población del estado de Guerrero, dos de Jalisco y dos de Tlaxcala, referenciadas y revisadas en los herbarios nacionales MEXU, XAL y ENCB. Se elaboraron extractos de las hojas para realizar un corrimiento electroforético con gel de agarosa al 12% utilizando un protocolo de 20 isoenzimas probadas para Cicadas con los sistemas PK y R. El patrón de bandas obtenidos fue analizado con el programa TFPGA v.1.3 para evaluar parámetros de variabilidad y estructura genética dentro y entre las poblaciones. Los resultados muestran actividad de las isoenzimas Menadione Reductasa (MNR), Malato Deshidrogenasa 1 y 2 (MDH1, MDH2) y Diaforasa (DIA) todas del sistema R. La variabilidad genética reportada presenta un promedio de alelos por locus de 2.0, con 100% de locus polimórficos, la heterocigosis esperada (H_E) es de 0.4129 y la observada (H_O) de 0.3885, el índice de fijación (F) es de 0.1422. En cuanto a la estructura genética, F_{IT} es de 0.2052, F_{IS} es de 0.0866 y F_{ST} es de 0.1277. El bajo número de isoenzimas obtenidas posiblemente se deba a la presencia de látex en esta especie. La variación genética puede considerarse como alta, pero a nivel poblacional, las dos de Tlaxcala y una de Jalisco presentan mayor homocigosis, posiblemente por efecto de la extracción de raíz con fines medicinales muy común en Tlaxcala. La población de Guerrero y una de Jalisco presentan mayor heterocigosis, lo cual puede estar influenciado por la presencia de polinizadores con amplia distribución como la mariposa monarca.

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS DEL GÉNERO *Halomonas* DE ZAPOTITLÁN SALINAS, PUEBLA MÉXICO

Aguilera-Urquidi I¹, Quintana-Bautista ME¹, De la Torre-Paredes KP¹, Espinoza-Villanueva J²,
Aley-Medina P², Campos JE¹, Monsalvo-Reyes A¹ y *Martínez-García M¹

¹Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Unidad de Biotecnología y Prototipos, Laboratorio de Bioquímica Molecular

²Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Unidad de Investigación Interdisciplinaria de Ciencias de la Salud y Educación, Laboratorio de Neuromorfología Experimental y Aplicada. Av. De los Barrios N° 1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, Edo. de México, C.P. 54090, México

marmartinezgar@hotmail.com

El aislamiento y la identificación de microorganismos presentes en un ambiente natural es esencial para determinar las propiedades y características particulares de los diferentes géneros presentes y los metabolitos o enzimas extracelulares que pueden producir. De los ambientes áridos y semiáridos se han aislado microorganismos interesantes por su uso tanto a nivel biotecnológico (biorremediación), como de sus funciones en los ciclos biológicos. En el presente trabajo fueron aisladas y caracterizadas polifásicamente bacterias halófilas mediante pruebas morfológicas, fisiológicas, bioquímicas y moleculares. Los aislamientos se realizaron a partir de una muestra de piletas prehispánicas de evaporación solar, en las tierras secas de Zapotitlán, una localidad en la reserva natural del valle de Tehuacán-Cuicatlán, México región con una diversidad amplia de organismos endémicos. Las características de esta región, como pH alcalino, temperaturas elevadas y concentraciones de sal altas, constituyen un ambiente favorable para la propagación de microorganismos extremófilos con potencial biotecnológico, el cual ha sido poco explorado. La morfología de las colonias fue mayormente circular-convexa, con pigmentación crema-amarilla, mientras que la morfología celular correspondió a bacilos Gram-negativos que crecieron en concentraciones de 0-25% de NaCl (p/v). Las bacterias caracterizadas son catalasa positiva y oxidasa tanto negativa como positiva. Basándose en el análisis parcial de la secuencia nucleotídica del gen ARNr 16S se identificaron los nucleótidos característicos reportados para miembros del género *Halomonas* y se encontraron cercanamente relacionadas con 4 especies del género (*H. campisalis*, *H. variabilis*, *H. boliviensis* y *H. venusta*), mismas que son reportadas con aplicaciones biotecnológicas.

EFFECTO DEL TRIÓXIDO DE VANADIO SOBRE LA PROLIFERACIÓN CELULAR DE LEUCOCITOS HUMANOS

Mateos-Nava RA^{1,2}, Pérez-Gómora E¹, Rodríguez-Mercado JJ¹, Álvarez-Barrera L¹ y Altamirano-Lozano MA^{1*}

¹Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental, Laboratorio 5-PA de la UMIEZ. Facultad de Estudios Superiores-Zaragoza. UNAM. Batalla del 5 de mayo esquina Fuerte de Loreto Ejército de Oriente, Iztapalapa 09230, México D.F.

²Posgrado en Ciencias Biológicas. UNAM

maal@unam.mx

El vanadio es un metal que se encuentra ampliamente distribuido en la Tierra, al cual los seres humanos están expuestos principalmente por los alimentos y de manera ocupacional. Uno de sus compuestos que está presente en el ambiente es el trióxido de vanadio (V_2O_3) que en cultivos de células de ovario de hámster chino ha demostrado que puede inducir la disminución de la proliferación celular, así como daño al ADN. Por lo que en éste trabajo se evaluó el efecto que induce la administración de V_2O_3 (2, 4, 8, ó 16 $\mu\text{g/mL}$) sobre la proliferación de cultivos de leucocitos humanos. Para lo cual se realizaron preparaciones citogenéticas mediante el ensayo de tinción de cromátidas hermanas utilizando sangre de dos donadores y se obtuvieron los siguientes parámetros: índice de replicación (IR), índice mitótico (IM), tiempo promedio de proliferación celular (TPC), además de la viabilidad; también se analizó la frecuencia de los intercambios de cromátidas hermanas (ICH). La administración de V_2O_3 no modificó la viabilidad, ni la frecuencia de ICH, sin embargo, disminuye el IM e IR, y aumenta el TPC de manera significativa en todas las concentraciones, por lo que se puede concluir que este compuesto detiene la proliferación celular de los leucocitos. Con base en lo anterior se propone investigar en qué fase del ciclo celular se está deteniendo y cuales proteínas están involucradas. **Este trabajo se realizó con el apoyo del proyecto IA201312 PAPIIT-DGAPA UNAM; y de CONACyT No. de Becario 210454.**

GENOTIPIFICACIÓN DE *Staphylococcus epidermidis* AISLADOS DE INFECCIONES OCULARES, CONJUNTIVA SANA Y PIEL SANA POR EL MÉTODO DE SECUENCIAS MULTILOCUS

Flores Páez LA¹, Zenteno JC², Buentello Volante B², Cancino-Díaz ME¹ y Cancino Díaz JC^{1*}

¹Instituto Politécnico Nacional, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas. Unidad Profesional Lázaro Cárdenas, Prolongación de Carpio y Plan de Ayala s/n, Col. Santo Tomás C.P. 11340 Delegación Miguel Hidalgo. México, D.F. Tels. 57296000 y 57296300 ext. 46209

²Instituto de Oftalmología Fundación Conde de Valenciana. Chimalpopoca 14, Obrera C.P. 06800 Delegación Cuauhtémoc. México, D.F.

jccancinodiaz@hotmail.com

Staphylococcus epidermidis es reconocido como un patógeno oportunista, debido a las altas frecuencias de aislamiento en los nosocomios y en particular en los dispositivos médicos. En los aislados clínicos de *S. epidermidis*, una alta producción de biopelícula es común y se piensa que esta habilidad le permite a la bacteria adaptarse a las condiciones ambientales del huésped. Existen pocos trabajos de tipificación molecular de cepas aisladas de infecciones oculares contra cepas aisladas de piel y conjuntiva sana, el cual en este trabajo se pretendió tipificar los aislados de *S. epidermidis* por el método de Multilocus Sequence Typing (MLST). MLST ha sido desarrollado como un método robusto de tipificación, que mide la divergencia secuencial de algunos genes en los que se ha observado una tasa de cambio muy lenta y es capaz de predecir la relación que existe entre cepas. La obtención de DNA genómico de 20 aislados de piel sana, 20 aislados de conjuntiva sana y 20 aislados de infección ocular fue realizado y se aplicó la técnica de MLST en estos aislados. Los resultados mostraron una gran variedad de tipos secuenciales (ST) dentro de los tres tipos de aislados y no se encontró un linaje de ST para los aislados de piel y conjuntiva sana e infección ocular. Sin embargo, en los aislados de infecciones oculares se encontró que la mayoría pertenecen a los linajes ST2 (40%) y ST9 (30%). El linaje ST2 también, fue encontrado en el grupo de los aislados de piel sana pero en menor proporción (20%). Estos resultados demuestran que existe una gran variedad de linajes STs en los aislados de *S. epidermidis* de piel, conjuntiva e infecciones oculares y con cierta predominancia del linaje ST2.

ACCIÓN INHIBIDORA DE LA PROTOPORFIRINA-IX DEL DAÑO GENÉTICO INDUCIDO POR LA CASIOPEINA (CAS III-E-A) Y EL TRIÓXIDO DE CROMO (CrO₃)

Vidal-Escobar LM, Pimentel-Peñaloza E* y Cruces-Martínez MP

Laboratorio de Genética de *Drosophila*, Departamento de Biología, ININ

emilio.pimentel@inin.gob.mx

La protoporfirina-IX (PP-IX) es un tetrapirrol sin centro metálico con actividad antioxidante, capaz de disminuir los niveles de actividad de Cat ($p < 0.007$) y prolongar el periodo de vida de *D. melanogaster*. Recientemente se encontró que también reduce el daño genético inducido por la etilnitrosourea (ENU). El presente estudio tiene como fin evaluar la acción moduladora de la PP-IX del daño genético inducido por el trióxido de cromo y la casiopeína III-E-a (Cas III-E-a). Para tal propósito se utilizó la prueba SMART en el ala y el índice de productividad de tres cepas de *D. melanogaster*: *Canton-S* (CS) y dos deficientes, una en la enzima *Sod* y la otra en *Cat*. Larvas de segundo estado *mwh* $+/+ flr^3$, CS, *Sod* y *Cat* se pretrataron con 69 mM de PP-IX durante 24 h. Posteriormente las larvas *mwh* $+/+ flr^3$ se trataron crónicamente con 0.025, 0.25 ó 2.5 mM de CrO₃ o bien con 0.01, 0.1 ó 1 mM de Cas III-E-a. Las larvas de CS y deficientes en *Sod* y *Cat* se trataron crónicamente con 0.1 mM de Cas III-E-a para a los adultos emergidos medirles su productividad en un régimen de camadas (I, II y III) de tres días cada una. Los resultados indicaron que el pretratamiento con PP-IX provocó que la frecuencia de mutación somática inducida por 0.1 y 1 mM de Cas III-E-a disminuyera, aunque sólo fue significativa con el tratamiento de PP-IX + 0.1 mM ($p < 0.05$). La combinación de PP-IX con 0.25 ó 2.5 mM de CrO₃ disminuyó la mutación somática 44 y 84% respectivamente. Los resultados preliminares de productividad indicaron que la PP-IX en las hembras CS la incrementó en la camada I y II y a los machos sólo en la camada II, no obstante la combinación de PP-IX y 0.1 mM de Cas III-E-a provocó que las hembras y machos de la cepa CS incrementaran su productividad. En las cepas deficientes de *Sod* o *Cat* el efecto fue inconsistente. Los resultados sugieren que la PP-IX actúa como antioxidante evitando que el estrés oxidante provocado por la Cas III-E-a y el CrO₃ dañe al ADN.

HUELLAS GENÓMICAS PARA ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD DE BACTERIAS ASOCIADAS AL *Agave americana*

Palomeque-Domínguez HH, Salas-del Barco NE, Zenteno-Alegría CO, Jonapá-Montoya RE, Flores-Montoya KA, Velázquez-Anaya F, Cruz-Pérez NH y Rincón-Rosales R*

Laboratorio de Biología Molecular. Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez, Carretera Panamericana Km 1080. Col. Terán, Tuxtla Gutiérrez, Chiapas

reriro61@hotmail.com

El “Agave comiteco”, es una planta de gran importancia en Chiapas, utilizada para la obtención de una bebida “espirituosa” denominada “Comiteco”. Las plantas dependen de factores abióticos y bióticos para lograr su crecimiento y establecen asociación con una diversidad de microorganismos con el fin de obtener algunos beneficios, como la obtención de nutrientes esenciales (N, P y K). Se han aislado microorganismos para emplearlos como biofertilizantes dada su capacidad de fijar nitrógeno, para esto se han empleado una diversidad de técnicas de asilamiento, cultivo e identificación. Las técnicas de biología molecular ofrecen un amplio rango para la detección e identificación de estos microorganismos. Las huellas genómicas permiten estudiar con una alta eficiencia la diversidad de bacterias en una población de microorganismos. El objetivo del trabajo fue seleccionar los grupos de organismos que presentaron mayor competitividad para emplearse como biofertilizantes. Muestras del suelo y raíces de hijuelos de éste Agave se desinfectaron y cultivaron en medios específicos para aislar bacterias diazotrofas (NFB). A partir de cepas puras se llevó a cabo la extracción de ADN total y se realizó la caracterización genotípica usando la técnica ERIC-PCR (huellas genómicas) y ARDRA (selección de especies). Se amplificó el gen cromosomal 16S ADN_r con los primers fd1(5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') y rd1(5'-AAGGAGGTGATCCAGCC-3'). El tamaño de los amplicones fue verificado por electroforesis en gel de agarosa al 1%. Los productos de PCR fueron purificados. Las muestras genómicas fueron enviadas para su secuenciación a MacroGen Inc. Para ARDRA se tomaron alícuotas de 1.5 µL del producto de PCR que fueron digeridas por la enzima de restricción Rsa I (GTAC), con un volumen total de 10 µL por muestra. Los fragmentos de restricción fueron separados por electroforesis en gel de agarosa al 3%. Las secuencias fueron editadas con el software BioEdit. El alineamiento se llevó a cabo con BLAST en NCBI. Se detectaron un total de 10 géneros bacterianos diferentes de la cual sobresale *Agrobacterium* y de manera importante bacterias del género *Rhizobium*. De acuerdo a la prueba ERIC-PCR, las cepas *Agrobacterium* resultaron ser las más competitivas con 33 ejemplares aislados mientras que *Klebsiella* obtuvo el menor rendimiento con 1 ejemplar.

DIVERGENCIA GENÉTICA Y DEMOGRAFÍA HISTÓRICA DE LA SIERRA DEL GOLFO DE CALIFORNIA *Scomberomorus concolor* (Lockington, 1879) Y DE LA SIERRA DEL PACÍFICO *Scomberomorus sierra* (Jordan y Starks, 1895)

Domínguez-López M, Uribe-Alcocer M* y Díaz-Jaimes P

Laboratorio de Genética de Organismos Acuáticos, Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, Universidad Nacional Autónoma de México. Av. Universidad 3000, Cd. Universitaria D.F. 04510

muribear@hotmail.com

Se investigó la historia demográfica y filogeografía de la sierra del Pacífico (*Scomberomorus sierra*) y la sierra del golfo de California (*Scomberomorus concolor*), mediante el análisis de las secuencias de un fragmento de la región control del DNA mitocondrial, en colectas dentro de su ámbito de distribución. Los niveles de variabilidad genética mostraron valores notablemente altos en ambas especies. Se observaron diferencias en el grado de divergencia genética entre ambas especies con *S. sierra* se manifestaron marcadas diferencias genéticas entre las tres principales zonas de abundancia de la especie mismas que a su vez corresponden a zonas de alta productividad primaria. En contraste, *S. concolor* no exhibió divergencia genética entre sus dos zonas principales de abundancia, la zona central y del alto golfo, las que representan zonas de alta productividad. En ambas especies no se encontró un patrón filogeográfico claro que explique la presencia o ausencia de divergencia poblacional. Sin embargo la demografía histórica mostró la ocurrencia en ambas especies, de procesos de expansión poblacional relacionada con la colonización del golfo de California en el caso de *S. concolor*, y del Pacífico oriental tropical (POT) en el caso de *S. sierra*, relacionados con ciclos glaciales-interglaciales durante el Pleistoceno y el incremento en las zonas de surgencia en el POT.

EFFECTO DE LAS CONDICIONES AMBIENTALES SOBRE EL POLIMORFISMO CROMOSÓMICO EN UNA POBLACIÓN NATURAL DE *Drosophila pseudoobscura* EN TULANCINGO, HIDALGO

Granados-Flores VN¹, Ospina-Noreña JE¹, Villalobos-Pietrini R¹, Salceda-Sacanelles VM², Jiménez-Guzmán J³ y Guzmán-Rincón J^{1*}

¹Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria Coyoacán 04510. México D.F.

²Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigadores Nucleares. Centro Nuclear de México, Km. 36.5 Carretera México Toluca, Salazar, Edo de México

³Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Lerma

judisabel@yahoo.com.mx

Las inversiones cromosómicas son eventos muy raros, ya que una inversión particular ocurre como un evento único. Debido a este hecho se considera que los arreglos cromosómicos llevan más información histórica que las mutaciones y pueden ser usados para establecer árboles filogenéticos que reflejen la evolución. Además, una vez que se forma una nueva inversión ésta permanece en la población en las generaciones posteriores, lo cual hace que los polimorfismos sean una herramienta útil para el estudio de los efectos ambientales biósfera-atmósfera. Durante más de 35 años, se ha estudiado en México la presencia y la distribución de los polimorfismos de *D. pseudoobscura* en poblaciones de diferentes localidades de la república mexicana, así como la variación estacional y geográfica y el papel que han tenido en la evolución de la especie, demostrando que presentan una variación cíclica. El objetivo de este trabajo es evaluar el impacto que tienen los cambios ambientales sobre las frecuencias de los arreglos cromosómicos de *D. pseudoobscura*. Para el análisis cromosómico, se colectaron individuos en un bosque cercano a Tulancingo, Hidalgo. En el laboratorio, las hembras se colocaron individualmente en frascos con medio de cultivo y los machos fueron cruzados individualmente con hembras vírgenes Tree Line (TL) dejándolas ovipositar. Al emerger las larvas del tercer estadio, se disectaron sus glándulas salivales, se tiñeron con acetocarmín al 5 %, se identificaron los arreglos cromosómicos y se calculó su frecuencia relativa. Además, se utilizaron las frecuencias cromosómicas reportadas para la población de Tulancingo, publicadas en Guzmán et al. (Tópicos de Genética, 2006). Se reunieron datos climatológicos de la estación 13082 del SMN (cercana a Tulancingo), correspondientes al período 1974-2006. Para el diagnóstico estadístico se utilizó el análisis multivariado de la varianza (MANOVA). Los resultados demostraron una correspondencia significativa del arreglo Cuernavaca con alguna de las variables ($\alpha=0.037$). La λ de Wilkes tuvo un valor de 0.5043, demostrando que al menos el 49.57 % de la varianza de la frecuencia del arreglo Cuernavaca puede ser explicada por los factores climáticos evaporación, precipitación, temperatura máxima y mínima. Sería conveniente realizar comparaciones de los polimorfismos cromosómicos con las condiciones ambientales en otras poblaciones naturales.

MODULACIÓN DE LA VITAMINA C Y EL FeSO_4 SOBRE LA ACTIVIDAD GENOTÓXICA DEL 4-NQO, EN SMART EN ALA DE *Drosophila melanogaster* (CRUZAS E y BE)

Arellano-Llamas R, Dueñas-García IE*, Santos-Cruz LF, Castañeda-Partida L, Durán-Díaz A y Heres-Pulido ME

Laboratorio de Genética Toxicológica. Facultad de Estudios Superiores Iztacala. Av. De los Barrios No. 1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, Estado de México

iduenasg@gmail.com

La vitamina C (Vit.C) tiene efecto antioxidante o pro-oxidante, que depende de la dosis y también de la presencia de metales libres, como el Fe^{+2} . El 1-óxido de 4-nitroquinolina (4-NQO) es un carcinógeno y promutágeno, que provoca aductos de purinas e incrementa las especies reactivas de oxígeno. Con SMART en ala de *Drosophila melanogaster*, cruza Estándar (CE) y Bioactivación Elevada (CBE), con niveles basales y altos de citocromos P450 (Cyp450s), respectivamente, se evaluó el resultado de las interacciones 4-NQO/ FeSO_4 , 4-NQO/Vit.C y 4-NQO/ FeSO_4 /Vit.C. Se expusieron larvas de tercer estadio, de ambas cruza, a tratamientos crónicos con 4-NQO (2 mM), FeSO_4 (0.2 mM) o Vit.C (5.6 mM). Los cotratamientos se hicieron con 4-NQO añadiendo FeSO_4 , Vit.C, o Vit.C/ FeSO_4 . Todos los compuestos se diluyeron en Tween 80-EtOH 5% (1:1). Se agregaron 2 mL de cada solución en 0.5 g de medio instantáneo para *D. melanogaster*. Se hicieron tres experimentos independientes con tres réplicas por tratamiento. Se realizaron preparaciones permanentes de las alas silvestres de ambas cruza y se revisaron, sin prejuicio, a 40x. Los resultados se analizaron estadísticamente con SMART-PC vs. 2.1 comparando con sus correspondientes testigos. En la CE se obtuvieron los resultados siguientes: (i) Vit.C aumentó significativamente la proporción de clones pequeños y totales; (ii) FeSO_4 y Vit.C/ FeSO_4 no fueron genotóxicos; (iii) Con los co-tratamientos se obtuvieron las siguientes jerarquías de genotoxicidad: 4-NQO/Vit.C/ FeSO_4 > 4-NQO/ FeSO_4 > 4-NQO/Vit.C > 4-NQO. En la CBE, con excepción de la 4-NQO, no se obtuvieron diferencias con ninguno de los tratamientos o co-tratamientos. Los resultados con la mezcla Vit.C/ FeSO_4 sugieren la reacción Fenton *in vivo*. En la CE la Vit.C fue genotóxica y todos los cotratamientos aumentaron la genotoxicidad del 4-NQO, lo cual indica daño por aumento de estrés oxidante. En la CBE la ausencia de aumento del daño provocado por el 4-NQO, debe estar relacionada con los niveles altos de los Cyp450s que *per se* producen estrés oxidante. Lo anterior pudiera resultar de la eliminación por apoptosis de las células dañadas, sin provocar una disminución significativa en las frecuencias espontáneas de los clones en el ala.

DETERMINACIÓN DEL SNP CT60 Y SU RELACIÓN CON EL DESARROLLO DE LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA EN PACIENTES PEDIÁTRICOS

Jasso-Jasso CA¹, Soto-Dorado LA², Torres-Orozco R¹, Martínez-Acuña MI¹, Ayala-Luján JL¹,
Hernandez-Barrales M¹, Zapata-Sosa I³ y Godina-González S^{1*}

¹Universidad Autónoma de Zacatecas, "Francisco García Salinas", Unidad Académica de Ciencias Químicas, Ciudad Universitaria Campus UAZ Siglo XXI. Carretera Zacatecas-Guadalajara, Km. 6, *Ejido* La Escondida, C.P. 98160. Zacatecas, Zac.

²Universidad Autónoma de Zacatecas, Unidad Académica de Ciencias Biológicas, Ave. Preparatoria s/n Col. Agronómica, C.P. 98066, Zacatecas, Zac.

³Hospital General Zacatecas "Luz González Cosío", Circuito Ciudad Gobierno No. 410 Col. Ciudad Gobierno, C.P. 98160, Zacatecas, Zac.

sgodina@hotmail.com

La proteína CTLA-4 tiene un papel importante como regulador de la activación de los linfocitos T, cuando se expresa en su membrana se une con una gran afinidad al receptor B-7, bloqueando la unión de B-7 a CD28, ésta última es una proteína activadora de los linfocitos T. Una ineficiente actividad o expresión de CTLA-4 puede conducir a una activación excesiva del Linfocito T, pues su baja expresión se ha relacionado con algunas enfermedades autoinmunes y la sobreexpresión de la misma con el desarrollo de neoplasias. Se han descrito diferentes polimorfismos en CTLA-4 que tienen importante relación con el desarrollo de autoinmunidad o neoplasias. Se ha demostrado que el polimorfismo CT60 A/G, ubicado en la región 3'UTR tiene relación con el desarrollo de tumores sólidos, pues la presencia de al menos un alelo G tiene un efecto protector. Se evaluó el polimorfismo CT60A/G en pacientes pediátricos con leucemia linfoblástica aguda (LLA) que son atendidos en el Hospital General de los Servicios de Salud de Zacatecas. El proyecto consistió en un estudio de caso-control, para evaluar el polimorfismo CT60A/G por PCR en tiempo real en sangre periférica de pacientes pediátricos con LLA y voluntarios control. Los pacientes con LLA muestran polimorfismos homocigoto para G o el heterocigoto, en cambio, el genotipo A/G fue el más abundante en el grupo control y el de menor presencia fue el homocigoto para A. Nuestros resultados sugieren que el polimorfismo CT60 (G>A) predispone al desarrollo de LLA en niños, lo que muestra un comportamiento diferente a lo que se ha reportado con el desarrollo de tumores sólidos.

DAÑO AL ADN EN LINFOCITOS HUMANOS EXPUESTOS A LOS COMPUESTOS ORGÁNICOS CONTENIDOS EN LAS PARTÍCULAS DEL AIRE DE UNA ZONA INDUSTRIAL

Flores-Márquez AR, Pérez-Guzmán VA, Amador-Muñoz O, Gómez-Arroyo S, Cortés-Eslava J y Villalobos-Pietrini R*

Laboratorios de Mutagénesis y Genotoxicología Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México. Coyoacán 04510. México D.F.

aflores@atmosfera.unam.mx

La contaminación atmosférica y sus efectos son un problema de gran interés, debido a la diversidad de fuentes y a la gama de compuestos que la conforman. Las aeropartículas con diámetro $\leq 2.5 \mu\text{m}$ ($\text{PM}_{2.5}$) representan un riesgo para la salud, ya que se depositan en la región alveolar y provocan diferentes efectos adversos en el ser humano. Entre los grupos que forman a la materia orgánica de $\text{PM}_{2.5}$, están los hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAP) con propiedades carcinogénicas. En este trabajo se analizó el daño genotóxico en linfocitos humanos producido por el material orgánico extraído (MOE) de $\text{PM}_{2.5}$ colectado en una zona industrial (Tlalnepantla) al noroeste de la Ciudad de México. Las células fueron expuestas durante 24 horas, a diversas concentraciones de MOE (10, 20, 30, 40, 50 y $60 \mu\text{g mL}^{-1}$) con y sin la fracción microsómica S9. Se emplearon dos testigos negativos, linfocitos sin tratar y con dimetil sulfóxido al 1 % (disolvente de las muestras); como testigos positivos, 1-nitropireno (compuesto de acción directa) y benzo[a]pireno (BaP, compuesto de acción indirecta). La concentración de éste último se determinó en experimentos preliminares con 20, 40, 80, 100 y $120 \mu\text{M}$, así como diferentes volúmenes de la mezcla S9 al 10 %. Para evaluar la genotoxicidad se empleó el ensayo cometa versión alcalina, usando como criterio de daño el momento de la cola. La viabilidad celular se obtuvo por la técnica de tinción dual (bromuro de etidio-diacetato de fluoresceína). Con BaP $80 \mu\text{M}$ se obtuvieron los mejores resultados de daño al ADN como testigo positivo. Asimismo, los valores promedio de momento de la cola se incrementaron al aumentar la concentración de MOE, siendo significativamente diferentes de los testigos negativos a partir de $20 \mu\text{g mL}^{-1}$ ($p < 0.05$), mientras que con activación metabólica, el efecto genético fue similar o menor al obtenido con la MOE sola. La viabilidad de los linfocitos después del tratamiento, fue mayor al 80% en todos los casos. La genotoxicidad producida por la materia orgánica extraída de $\text{PM}_{2.5}$ de Tlalnepantla fue posiblemente debida a la presencia de nitro-HAP, que se encontraban en mayor concentración que los HAP.

POLIMORFISMOS DEL GEN TNF Y SUSCEPTIBILIDAD DE DESARROLLAR LINFOMA DE HODGKIN EN PACIENTES MEXICANOS

Torres-Espíndola LM¹, Velázquez-Cruz R², Falfán-Valencia R³, Salcedo-Vargas M⁴, Nambo-Lucio MJ⁴, Salinas-Lara C, Chavez-Pacheco JL¹, Granados-Montiel J⁵, Granados Arriola J⁶, Solorio-López E¹ y Castillejos-López MJ³

¹Laboratorio de Farmacología-Instituto Nacional de Pediatría

²Instituto Nacional de Medicina Genómica

³Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias

⁴Centro Médico Nacional Siglo XXI

⁵Instituto Nacional de Rehabilitación

⁶Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición

mcastillejos@gmail.com

El linfoma de Hodgkin (LH) es una neoplasia infrecuente del sistema linfático. La inflamación se ha propuesto como un factor etiológico para varios tipos de cáncer en varias poblaciones en humanos, así como variantes alélicas en genes implicados en inflamación son fuertes candidatos como determinantes genéticos de riesgo a LH. El objetivo del trabajo fue estudiar si SNPs localizados en el gen TNF se encuentran asociados con la susceptibilidad a desarrollar LH en una muestra de pacientes mexicanos y compararlos con individuos sanos. Se realizó un estudio analítico observacional de casos y controles, se tomó muestra de sangre periférica para extracción de DNA y ensayo de discriminación alélica mediante sondas TaqMan. Se estudiaron 56 casos y 127 controles para probar la relación del LH con las variantes alélicas del promotor del gen TNF -376G>A(rs1800750), TNF -238G>A(rs361525) y TNF 581 T>A(rs11574936) en la región codificante. Mediante un modelo bivariado empleando la prueba de χ^2 se calcularon los valores de p considerándose significativo cuando su valor fue <0.05. La magnitud de la asociación entre las variantes alélicas seleccionadas de TNF y la presencia de linfoma de Hodgkin, se realizó mediante el cálculo de la Odds Ratio con un intervalo de confianza del 95% [(OR(IC95%)]. Finalmente se realizó un análisis estratificado utilizando la prueba de Mantel-Haenszel para determinar la magnitud de la asociación ajustando por edad: Adultos jóvenes (<35 años=1) vs Adultos mayores ($\geq$ 35 años=2) El software que se utilizó para el análisis estadístico fue el STATA v11. El genotipo GA del SNP -376, mostró una diferencia significativa en los casos de (15.4%) y en los controles de (4%) [OR=4.41(1.21-16.6)], p=0.02. En el modelo estratificado se encontró que existe una asociación entre la presencia del SNP rs1800750 y LH entre las personas de 35 años o por encima de [OR=5.01(1.39-18.01)], mientras que en el grupo de menos de 35 años, la asociación no fue estadísticamente significativa [OR=2.29(0.12-41.98)]. En este grupo de pacientes mestizo-mexicanos se encontró que el polimorfismo -376 G>A en la región promotora de TNF está asociado al desarrollo de LH.

EFFECTO DE LOS ALELOS DELTA 32 (CCR5) Y 801A (SDF-1) EN LA INFECCIÓN POR VIH/SIDA

Velarde-Félix JS^{1,2}, Sánchez-Zazueta JG¹, Olimón-Andalón V¹, Ochoa Ramírez LA² Cázares-Salazar SG^{2,3}, Ríos-Tostado JJ², Osuna Ramírez I⁴ y Díaz-Camacho SP⁴

¹Cuerpo Académico Inmunogenética y Evolución UAS-CA-265, Unidad Académica Escuela de Biología, Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS)

²Centro de Medicina Genómica del Hospital General de Culiacán

³Estudiante de Maestría en Ciencias Biomédicas

⁴Cuerpo Académico Salud Pública UAS-CA-103 de la Facultad de Ciencias Químico-Biológicas-UAS, Culiacán, Sinaloa, México

spdiazc@gmail.com

Polimorfismos en genes que codifican quimocinas o sus receptores pueden modular la susceptibilidad a la infección del virus de la inmunodeficiencia humana y progresión a la enfermedad. El objetivo de este estudio fue el determinar la frecuencia de los polimorfismos Delta 32 y 801A de los genes CCR5 y SDF-1, respectivamente y su papel en el curso de la infección en una población del Noroeste de México. Se analizaron 287 pacientes y 472 controles para CCR5 y 203 pacientes y 212 controles para SDF-1, cuyos genotipos fueron determinados mediante Reacción en Cadena de la Polimerasa y Polimorfismos en la Longitud Fragmentos de Restricción (PCR-RFLP's). La progresión o resistencia a SIDA fue definida por los siguientes parámetros: niveles de carga viral, conteo de linfocitos CD4 y enfermedades asociadas a la infección. Las frecuencias alélicas (Delta 32: 3.28% en controles -vs- 3.5% en pacientes; 801A: 15.5% en controles -vs-17.8% en pacientes) y genotípicas (dato no mostrado) para ambos polimorfismos no mostraron diferencias significativas, así como tampoco asociación con los parámetros de progresión o resistencia. La falta de asociación encontrada en el presente estudio sugiere que otros genes o polimorfismos pueden ser importantes en la susceptibilidad y/o progresión a VIH/SIDA en esta población de México.

**TRANSFECCIÓN DE UNA SECUENCIA CODIFICANTE DE LA ENZIMA
DIACILGLICEROL ACILTRANSFERASA COMO MEDIO PARA INCREMENTAR
LA ACUMULACIÓN DE TRIGLICÉRIDOS EN *Dunaliella salina***

Guzman Oroztico JI y Stephano Hornedo JL*

Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Baja California. Laboratorio Meredith Gould

Guzman.jose@uabc.edu.mx

Dunaliella salina es una microalga conocida por habitar en ambientes de estrés fisiológico, esto junto al hecho de que su forma de vida favorece al anabolismo de lípidos en alta salinidad, la convierte en una de las alternativas para la producción de biocombustibles. Como una manera de incrementar la producción de triglicéridos, se realizó una construcción genética para expresión nuclear en base al promotor de la ribulosa bifosfato carboxilasa 2 de *Chlamydomonas reinhardtii* dentro del plásmido pCAMBIA 1302, la cual permitirá la expresión del gen de diacilglicerol aciltransferasa en *D. Salina*, una vez concluida la construcción del plásmido, se transformará la bacteria *Agrobacterium tumefaciens* con el plásmido para la posterior transfección de este en la microalga *D. salina* en medio de cultivo sólido. Una vez transfectada la microalga, se determinó la presencia de colonias transformantes mediante la selección con el antibiótico higromicina. La presencia de la construcción genética será confirmada por la amplificación del gen diacilglicerol aciltransferasa por PCR de DNA genómico, y la transcripción por la amplificación por PCR a partir de cDNA generado del RNA mensajero de las microalgas transformadas. Los resultados muestran una media de 49 colonias transformantes de *D. Salina* por cada 5 millones de células y una sensibilidad buena a la higromicina B como agente de selección.

EFFECTO DEL CONSUMO DE SARDINA SOBRE LA EXPRESIÓN DE LOS GENES SCD-1 Y CYP7A-1, IMPLICADOS EN EL METABOLISMO DE LÍPIDOS

López-Álvarez F, Jiménez-Vega F y López Díaz JA*

Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Anillo Pronaf y Estocolmo S/N, Cd. Juárez, Chih. Méx. 32300

joslopez@uacj.mx

Las sardinas contienen cantidades considerables de ácidos grasos poliinsaturados omega-3, EPA y DHA, que se les atribuyen diversos efectos benéficos al consumirse. Fue evaluado el efecto del consumo de sardina sobre la concentración de triglicéridos, colesterol total y HDL en suero así como el efecto sobre la expresión de los genes SCD-1, CYP7A-1, PPAR α y SREBP, implicados en el metabolismo de lípidos. Fueron diseñadas 4 dietas isoenergéticas e isonutrientes, teniendo como variables la fuente de grasa y proteína: caseína + aceite de maíz (control), caseína + aceite de sardina, proteína de sardina + aceite de maíz y sardina completa + aceite de maíz; fueron suministradas a 4 grupos de 6 ratas Sprague Dawley durante 28 días. Se determinó a cada rata la concentración de colesterol total, triglicéridos y HDL en sangre a los días 1, 7, 14, 21 y 28. La expresión de los genes fue analizada en el hígado de los animales por medio del RNAm por RT-PCR. El tratamiento con aceite de sardina redujo la concentración de triglicéridos, mantuvo los niveles de colesterol total y aumentó las lipoproteínas de alta densidad en plasma mientras que la proteína de sardina y la sardina entera indujeron un decremento significativo en los niveles de colesterol total sérico y mantuvieron estables los niveles de HDL. El grupo que consumió aceite de sardina presentó un decremento en los niveles de RNAm para SCD-1 respecto a la dieta control, sin embargo, los transcritos de CYP7A-1 se vieron aumentados en mayor proporción con la proteína de sardina, no encontrándose una relación directa en el decremento de los niveles de RNAm para SCD-1 respecto a la dieta control, por lo que no se encontró una relación directa en el decremento de los niveles de ARNm de SCD-1 y el aumento de CYP7A-1 por medio del consumo de sardina. La expresión de SREBP-1C, que estimulan la síntesis de lípidos en el hígado, fue disminuida por las dietas con sardina entera (38.72 ± 3) y aceite de sardina (40.45 ± 5.88), lo que sugiere que dichas dietas disminuyen la colesterologénesis en el hígado de éstas ratas.

FRECUENCIA DEL POLIMORFISMO G2677A DEL GEN MDR-1 ASOCIADO A LEUCEMIA Y EN UN GRUPO CONTROL

Quezada Cruz I^{1,2}, Domínguez Arrevillaga S^{1,3*}, Martínez Rodríguez H⁵, Lugo Trampe Á⁴, Canseco Ávila L^{1,2,3}, Espinoza Ruiz M¹, Trujillo Murillo K^{3,4}, Sánchez González R³ y Serrano Guzmán E¹

¹Laboratorio de Diagnóstico Molecular, Facultad de Ciencias Químicas

²Doctorado en Ciencias para la Salud. Consorcio de Ciencias de la Salud

³HRAE "Ciudad Salud"

⁴Centro Mesoamericano de Estudios en Salud Pública y Desastres

⁵Departamento de Bioquímica y Medicina Molecular, Facultad de Medicina. UANL. Carretera a Puerto Madero Km. 1.5, C.P. 30700. Tapachula, Chiapas, México

doas67@yahoo.com.mx

La Leucemia es la proliferación maligna de las células hematopoyéticas, cuya acumulación progresiva se acompaña de una disminución en la producción de elementos sanguíneos normales. Aunque la etiología de la Leucemia no se conoce bien, factores genéticos y ambientales parecen estar involucrados. Por consiguiente un mayor riesgo de leucemia se ha asociado con polimorfismos en los genes que participan en el transporte y metabolismo de xenobióticos. El tratamiento actual de la leucemia consiste esencialmente en un intensivo régimen de quimioterapia. Un factor de gran importancia para la respuesta al tratamiento es la presencia del gen de resistencia a multidrogas (MDR-1). Este gen se ha detectado en diferentes enfermedades neoplásicas y constituye la principal causa de quimio-resistencia a diferentes fármacos. Por lo cual en este trabajo se planteó conocer la asociación de este polimorfismo G2677A del gen MDR-1 en pacientes con leucemia y en un grupo control, así como determinar su frecuencia. Para demostrar lo anterior se estudiaron un total de 32 pacientes con Leucemia y 58 sujetos control los cuales fueron analizados por PCR-RFLP (Polimorfismo largo del fragmento de restricción). La distribución genotípica MDR-1 presentó una elevada frecuencia GA en 37% de los casos de Leucemia comparado con el 10% del grupo control, donde el grupo con Leucemia mostro asociación con el genotipo GA. En el análisis estadístico, se encontró correlación entre el gene MDR-1 G2677A y la presencia de Leucemia con un valor de $P=0.0102$. La resistencia celular a las drogas quimioterapéuticas, representa en la actualidad, la principal causa de falla en el tratamiento de la mayoría de las enfermedades oncohematológicas por lo que es de gran importancia identificar el polimorfismo G2677A del gen MDR-1 en la mayoría de los padecimientos hematológicos para mejorar las estrategias terapéuticas.

ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE TRES ESPECIES DE USO MEDICINAL SOBRE AISLADOS DE IMPORTANCIA CLÍNICA

Chena-Becerra F, Lozada-García JA y Palmeros-Sánchez B

Laboratorio de Toxicología de la Facultad de Biología. Universidad Veracruzana Campus Xalapa Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n Zona Universitaria C.P. 91000

bpalmeros@uv.mx

Tradicionalmente, en muchas comunidades del país las plantas representan un recurso muy importante para el tratamiento de enfermedades de atención primaria, particularmente para aquellas personas con acceso restringido a los servicios de salud e ingresos limitados. El uso exitoso de estas plantas se debe a la presencia de compuestos con actividad microbica conocidos como metabolitos secundarios, los cuales han generado mucho interés de los científicos como alternativa al uso de los antibióticos ya que los microorganismos patógenos han desarrollado resistencia a estos últimos. El objetivo de este trabajo fue determinar la actividad biológica de extractos alcohólicos de *Tithonia diversifolia*, *Lopezia racemosa* y *Cuphea nitidula* sobre microorganismos patógenos para el hombre; estas especies se utilizan en la medicina tradicional de la localidad de Tlalchay, Ixhuacán de los Reyes, Veracruz. Los extractos se elaboraron macerando el material biológico deshidratado en etanol frío; posteriormente, los extractos se filtraron al vacío y se concentraron en un rotavapor. Los principales grupos de metabolitos secundarios se determinaron mediante un tamiz fitoquímico. Finalmente, las pruebas de susceptibilidad se hicieron utilizando el método Kirby-Bauer, y la Concentración Mínima Inhibitoria (MIC) se determinó por microdilución según lo recomendado por CSLI (2006). Los resultados mostraron que *T. diversifolia* presentó actividad leve contra *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Pseudomonas fluorescens*, *Klebsiella pneumoniae*, *Streptococcus pyogenes* y *S. pyogenes* β -hemolítico; la actividad mayor fue sobre *P. aeruginosa* y *S. aureus*. La MIC para este extracto está entre 18-36 $\mu\text{g}/\text{mL}$ para *S. aureus* y no se pudo determinar para *P. aeruginosa*, ya que esta última fue resistente a esta concentración (más alta probado). El extracto de *L. racemosa* tuvo actividad leve contra *S. aureus*, *Salmonella typhi* y *S. pyogenes*. La actividad significativa de este extracto fue sobre *Candida albicans* y *Candida tropicalis* con una MIC entre 9-18 $\mu\text{g}/\text{mL}$ y 18-36 $\mu\text{g}/\text{mL}$, respectivamente. Finalmente, los resultados para *C. nitidula* mostraron actividad leve de esta especie contra *Escherichia coli*, *P. fluorescens*, *K. pneumoniae*, *Proteus vulgaris* y *S. pyogenes*, con actividad significativa sobre *S. pyogenes* β -hemolítico y *P. aeruginosa*, cuyas MICs están por arriba de la concentración más alta que se utilizó en esta etapa del trabajo.

FRECUENCIA DE LOS ALELOS QUE CONFIEREN RESISTENCIA A AZOXISTROBIN Y BENOMIL EN AISLADOS DE *Mycosphaerella fijiensis*

Manzo-Sánchez G¹, Guzmán-González S¹, Buenrostro-Nava MT¹, Orozco-Santos M², Martínez-Bolaños L³, Islas-Flores I⁴ y Canto-Canche B⁴

¹Universidad de Colima, Laboratorio de Biotecnología

²INIFAP-Campo Experimental Tecmán

³Universidad Autónoma Chapingo, Chapingo

⁴UBT y UBBMP, CICY, Mérida, Yucatán

gmanzo@ucol.mx

La Sigatoka negra causada por *Mycosphaerella fijiensis* Morelet, es la enfermedad más devastadora en el cultivo de los bananos y plátanos. Su control se basa principalmente en aplicaciones aéreas de fungicidas químicos, con ingredientes activos (i.a.) de contacto y sistémicos, entre estos últimos frecuentemente azoxistrobin o benomyl. Un método de diagnóstico oportuno para determinar la resistencia a estos fungicidas sería una herramienta útil para los productores. Por lo tanto, en este estudio se llevó a cabo el análisis de la frecuencia de los alelos que confieren resistencia a estos i.a. mediante PCR-RFLP de aislados de *M. fijiensis* de las regiones productoras de Colima, Jalisco, Michoacán, Tabasco y Chiapas. Se llevaron a cabo colectas de hojas de plátano con síntomas visuales de Sigatoka negra, a partir de los cuales se establecieron cultivos monospóricos que luego fueron cultivados en medio líquido papa dextrosa para lograr producción masiva de micelio y extracción de ADN genómico. Los alelos de los genes β -tubulina y citocromo b fueron analizados mediante PCR-RFLP usando las enzimas *Fnu* DII e *Ita* I, respectivamente. Mediante esta técnica se pudo detectar la presencia en las cepas mexicanas de *M. fijiensis* de dos alelos para cada uno de estos genes. Los resultados mostraron la presencia de la mutación en el codón 143 del gen de la citocromo b (*citbR*) que confiere resistencia a azoxistrobin en 3 aislados de Chiapas, mientras que 74 aislados contenían el alelo de susceptibilidad (*citbS*). Para el caso de la mutación en el codón 198 del gen de β -tubulina, 24 aislados presentaron la mutación de resistencia a benomil (β tubR) y 20 aislados mostraron la presencia de β tubS. Todos los aislados con el alelo β tubR presentaron el alelo *citbS*; se puede considerar aplicar azoxistrobin (2 a 3 aplicaciones al año) en las localidades donde la frecuencia de aislados de *M. fijiensis* con genotipo β tubR-*citbS* es alta. Estos resultados son útiles para lograr un manejo adecuado de la Sigatoka negra y evitar las aplicaciones del fungicida en las zonas donde se presentan altas frecuencias de aislados resistentes. **Este trabajo recibió los apoyos de los proyectos FOMIX-Colima (80966) y FORDECYT (116886).**

ACTIVIDAD BIOLÓGICA DE EXTRACTOS ETANÓLICOS DE *Rubus* sp. EN *Artemia franciscana* KELLOGG 1906

Cruz-Martínez B, Fernández MS*, Lozada García JA* y Palmeros Sánchez B

Laboratorio de Toxicología y Laboratorio de Ecología Evolutiva, Facultad de Biología Campus Xalapa, Universidad Veracruzana. Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Xalapa, Veracruz

socouv@yahoo.com

El bioensayo de *Artemia franciscana* es usado para determinar la toxicidad de diversos extractos vegetales; las especies de zarzamoras han sido estudiadas debido a sus usos como plantas medicinales, mostrando que presentan cualidades valiosas para el ser humano. Es debido a esto que se planteó la caracterización fitoquímica preliminar de los extractos etanólicos en las especies de *Rubus coriifolius* y *Rubus fruticosus* var. Brazos, además de la determinación del índice de oxidación y el bioensayo de *Artemia franciscana* para la evaluación de toxicidad. Los extractos etanólicos de las hojas de zarzamora fueron colectados en cuatro sitios del municipio de Ixhuacán de los Reyes y un sitio en Coatepec, Veracruz. Estos extractos fueron caracterizados mediante pruebas fitoquímicas preliminares; mostrando que contienen flavonoides y triterpenos/esteroles y sólo *R. fruticosus* var. Brazos, contiene alcaloides. La cuantificación de flavonoides se realizó por el método colorimétrico de cloruro de aluminio a 540 nm. Se obtuvo el índice de oxidación mediante la medición del tiempo requerido para la desaparición de color del permanganato de potasio. En el bioensayo de *Artemia franciscana* se evaluó la toxicidad de los extractos; empleando 10 individuos por prueba colocados en recipientes con 10 mL de agua de mar artificial y con las concentraciones de 0, 25, 50, 75, 100 µg/mL del extracto, con tres réplicas, registrando a las 48 horas los organismos afectados. Los resultados mostraron que el extracto más tóxico fue *Rubus coriifolius* con CL₅₀ de 46.23 µg/mL, con mayor cantidad de flavonoides (158.85 µg/mL) y también el de menor índice de oxidación (1.68 segundos), en especial el colectado en el sitio tres; el de menor toxicidad fue *R. fruticosus* var. Brazos con CL₅₀ 419.59 µg/mL, con una cantidad menor de flavonoides (144.36 µg/mL) y también tuvo el mayor índice de oxidación (2.76 segundos). El extracto de más tóxico de *R. coriifolius* fue seleccionado para evaluar el daño al DNA mediante el ensayo en escalera. Se concluye que los extractos etanólicos de *Rubus coriifolius* presentaron mejores resultados que los obtenidos por los extractos etanólicos de *Rubus fruticosus* var. Brazos.

ESTUDIO DEL COMPLEJO JETHYS (LEPIDÓPTERA: PAPILIONOIDEA; *Enantia*) EN MÉXICO A TRAVÉS DEL CÓDIGO DE BARRAS

Jasso Martínez JM, Castañeda Sortibrán AN, Pozo de la Tijera MC, García Sandoval R y
Rodríguez Arnaiz R

¹Laboratorio de Genética y Evolución, Departamento de Biología Celular

²Departamento de Biología Comparada, Facultad de Ciencias, UNAM

³Colegio de la Frontera Sur, Unidad Chetumal, Quintana Roo

Nixtin@ciencias.unam.mx

Recientemente, los taxónomos han encontrado un modo de identificar especies aunando caracteres moleculares a caracteres morfológicos. Una de las secuencias utilizadas para este fin es una región de DNA mitocondrial: Citocromo C Oxidasa I (COI), que sirve como etiqueta para la identificación que distingue la variación inter e intraespecífica. Estudios detallados de aspectos biológicos del complejo jethys (LEPIDÓPTERA: PAPILIONOIDEA; *Enantia*) pertenecientes a la subfamilia *Dismorphiinae* realizados por Llorente en 1983 indican que el complejo se compone por tres especies: *Enantia mazai*, *Enantia albania* y *Enantia jethys* la primera y la segunda con dos subespecies. Castañeda en 1996 sustenta la conclusión de Llorente a través de un estudio del complejo con aloenzimas, además encontró que los valores de distancia genética entre poblaciones de la misma especie como son *E. Albania*, *E. jethys* y las subespecies de *E. mazai* son bajos y son similares a los que se encuentran en otras especies de lepidópteros, por otro lado, los valores entre especies son más altos que cualquier otro valor reportado para mariposas. Entre las dos subespecies de *E. mazai* existen barreras geográficas que hacen poco probable su contacto físico. En este estudio se utilizó COI para la identificación de las especies que componen el complejo jethys. No se encontraron evidencias que *E. mazai mazai* y *E. mazai diazi* sean subespecies. El árbol filogenético inferido con base en COI no logra recuperar ambos taxones como clados diferentes, pero un clado que incluye representantes de *E. albania* es recuperado consistentemente dentro del grupo de *E. mazai*, posiblemente representando un evento de especiación incipiente o un fenómeno de hibridación. El análisis filogenético demuestra que COI no es suficiente para discriminar entre ambas subespecies de *E. mazai*. Nuestros resultados coinciden con lo reportado por otros autores con base en secuencias de COI, ellos no lograron discriminar entre especies de mariposas bien diferenciadas con base en la morfología. Si bien el COI por sí mismo no puede discriminar entre especies cercanamente relacionadas en este caso, si puede brindar información relevante para descubrir otros fenómenos como especiación incipiente o hibridación. Las perspectivas en este proyecto contemplan la adición de otros marcadores y análisis específicos para profundizar en el patrón descubierto.

SECUENCIA COMPLETA DE FLAGELINA COMO UN MARCADOR MOLECULAR INTER-ESPECÍFICO EN BACTERIAS

Martínez-Peña MD¹, Borrayo E^{1,2}, Morales-Valencia JA² y Arteaga-Garibay R^{1*}

¹Centro Nacional de Recursos Genéticos, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Blvd. de la Biodiversidad N.º 400, Tepatitlán, Jalisco, C.P. 47600, México

²Departamento de Ciencias Computacionales, Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingenierías, Universidad de Guadalajara. Blvd. Marcelino García Barragán No. 1421 esq. Calzada Olímpica, Guadalajara, Jalisco, C.P. 44430, México

*arteaga.ramon@inifap.gob.mx

La flagelina es una proteína que corresponde a la unidad estructural flagelar, ésta presenta cuatro dominios estructurales; dos de los cuales son altamente conservados entre las bacterias, mientras que los otros dos presentan una variabilidad considerable. Las flagelinas se han utilizado como marcadores moleculares filogenéticos, principalmente de forma inter-específica. En este trabajo, se realizó una comparación entre algunos marcadores moleculares para determinar la relación filogenética en bacterias de importancia clínica y veterinaria. Se analizaron 5 secuencias de DNA diferentes de los siguientes marcadores moleculares: la secuencia conservada y completa de flagelinas, 16S rRNA, recA, y del gen 16S. El alineamiento de las secuencias se realizó con los parámetros establecidos en el programa MATLAB[®] R2010b, según la descripción en MATLAB[®] Toolbox[®] v3.6 (<http://www.mathworks.com>). Se realizó la edición manual de los alineamientos y se llevó a cabo la reconstrucción filogenética con el programa MEGA v5.0 por Neiborn-Joining con el modelo de sustitución de Tajima-Nei y los parámetros por defecto, excepto por la inclusión de 10.000 bootstraps. Los árboles obtenidos se compararon mediante una superposición de grupos, con base al método modificado de división de Robinson y Foulds, que se modificó para comparar filogramas, independientemente de su escala, por Borrayo *et al.* 2013 La puntuación de similitud de la superposición de grupos se calculó por la media aritmética de todas las apariciones de hojas de cada rama. Al comparar un árbol contra sí mismo, la puntuación obtenida es 100%. Los resultados mostraron que la secuencia completa de la flagelina puede ser usada como un marcador filogenético confiable para la reconstrucción filogenética entre las bacterias estudiadas de interés clínico y veterinario.

Trabajos libres

Viernes 4, octubre 2013

Sesión 9



DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE ENFERMEDADES EN CAÑA DE AZÚCAR

Bermúdez-Guzmán MJ¹, Barbosa-Villa MI, Orozco-Santos M, Reyes-Castillo A y Guzmán-González S²

¹Laboratorio de Biotecnología de Plantas. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Campo Experimental Tecomán. Autopista Colima-Manzanillo Km 35, Tecomán, Col., México

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

bermudez.manuel@inifap.gob.mx

El cultivo de la caña de azúcar (*Saccharum officinarum*), gramínea perteneciente a la familia Poaceae, se ha visto afectado por diversas enfermedades asociadas a microorganismos fitopatógenos de origen bacteriano, fúngico y viral tales como escaldadura (*Xanthomonas albilineans*), roya café (*Puccinia melanocephala*), roya naranja (*Puccinia kuehnii*) y mosaico (ScMV). Con la finalidad de realizar un diagnóstico molecular mediante la PCR para la detección de la etiología y la determinación de la distribución de las diversas enfermedades que afectan el cultivo de la caña de azúcar, se colectaron muestras de lámina foliar con síntomas típicos de estas enfermedades. Las plantas analizadas provenían de variedades en etapa comercial y muestreadas a diferentes edades en los estados de Colima, Jalisco y Michoacán. Las hojas fueron molidas con nitrógeno líquido; se realizó la extracción de los ácidos nucleicos mediante el método del CTAB (DNA) y TriPure de Roche (RNA) y se cuantificaron. El cDNA fue obtenido con el kit “reverse transcription system” de Promega. Para las reacciones de PCR se utilizaron oligonucleótidos específicos, reportados previamente en la literatura, para cada agente causal. Finalmente, los productos de PCR fueron analizados mediante electroforesis en gel de agarosa. Nuestros resultados demuestran la presencia de *X. albilineans* en parcelas del estado de Colima y Jalisco, afectando las variedades ATEMEX 96-405 y CP 72-2086, mientras que aún no se han detectado bacterias de *L. Xyli*. Por otra parte, el virus del mosaico presentó una amplia distribución en la región. En lo que respecta a los hongos del género *Puccinia*, los oligonucleótidos utilizados de acuerdo a Glyn *et al.*, no amplificaron en las muestras ni en los aislados utilizados como controles positivos (los cuales fueron donados por el Centro Nacional de Referencia Fitosanitaria). Debido a lo anterior, se utilizaron los oligonucleótidos ITS 5 e ITS 4, los cuales amplificaron regiones conservadas del DNA ribosomal, sin embargo, estas bandas necesitan ser secuenciadas aun para ser comparadas con la base de datos de GenBank. Se deben de muestrear aún más zonas del pacífico mexicano con el fin de obtener un número significativo de muestras para realizar el diagnóstico de enfermedades en la región.

ESTRUCTURA Y RELACIONES GENÉTICAS ENTRE POBLACIONES MESTIZAS DE MÉXICO RESPECTO A EL CARIBE Y LATINOAMÉRICA A PARTIR DE STRs DEL CODIS

Rangel Villalobos H*, Salazar Flores J y Rubi-Castellanos R

Instituto de Investigación en Genética Molecular, Universidad de Guadalajara, Av. Universidad #1115, Ocotlán, Jalisco, México. C.P. 47810

hrangel13@hotmail.com.

Los microsatélites o STRs (*Short Tandem Repeats*) del CODIS (*Combined DNA Index System*), son los marcadores más empleados en identificación humana. Las bases de datos de STRs, además de servir para interpretar perfiles genéticos, aportan conocimiento relevante en antropología y ciencias biomédicas. A la fecha, no se ha evaluado la subestructura, relaciones genéticas y ancestría de las poblaciones mestizas mexicanas respecto a Latinoamérica y El Caribe mediante CODIS-STRs. Para ello, se realizó un análisis interpoblacional con datos para 13 CODIS-STRs de 11 poblaciones de México, cuatro del Caribe, 12 de Centro y Sudamérica, además de tres pools ancestrales (europeo, amerindio y africano). Para el análisis estadístico se usaron los programas Arlequin, Structure, GDA y Treeview. Adicionalmente se genotiparon 15 STRs en 409 mestizos de Tijuana, BC, con el kit PCR AmpFISTR Identifiler y ECen un ABI-Prism 3130 (Applied Biosystems). Se obtuvieron las frecuencias alélicas y parámetros estadísticos de interés forense en Tijuana (PD, PE, Het, PIC e IP típico). Tres STRs no estuvieron en equilibrio Hardy-Weinberg (HW), probablemente resultado del elevado flujo génico en esta población fronteriza. El origen amerindio en mestizos del centro y sureste de México fue de los más elevados en Latinoamérica (50.9-68.6%), solo comparable con Ecuador (56%). Por su parte, el origen europeo destacó en Sudamérica: Venezuela, Colombia, Brasil, Paraguay y Argentina (66.7-75%), mayor a poblaciones del Norte de México (54-65.6%). El origen africano en México destacó por ser el menor (2.2-6.3%) respecto a la mayoría de poblaciones latinoamericanas ($\geq 2.6\%$), en particular Honduras (62%), Nicaragua (13.6%), Brasil (21%) y El Caribe (43.2-65.2%). La estructura poblacional fue significativa en todas las regiones estudiadas ($F_{st} = 0.000$), aunque sólo en México se forman agrupaciones congruentes con la geografía. En Centroamérica se observó la mayor subestructura por el incremento de la ancestría africana. En conclusión, los parámetros forenses estimados en Tijuana validan el uso de los 15 STRs en casos de forenses y paternidad; además, se ejemplifica el probable efecto del flujo génico en poblaciones con alta inmigración. En general, la ancestría amerindia es mayor en Centroamérica, la europea en Sudamérica y prevalece la africana en el Caribe.

LA EXPOSICIÓN A PERMETRINA Y MALATIÓN INDUCE ALTERACIONES EN LOS GENES *ETV6* Y *RUNX1* Y ANEUPLOIDÍA EN LINFOCITOS HUMANOS *IN VITRO*

Pérez-Vera P^{1*}, Sanabrais MA^{1,2}, Betancourt M³, Navarrete-Meneses MP¹ y Salas C¹

¹Laboratorio de Cultivo de Tejidos, Instituto Nacional de Pediatría. Insurgentes Sur 3700-C, C.P. 04530

²Licenciatura en Biología Experimental

³Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa

pperezvera@yahoo.com

La leucemia linfoblástica aguda (LLA) es el cáncer pediátrico más frecuente y tiene etiología multifactorial; los estudios epidemiológicos han mostrado diversos factores de riesgo, entre los que destaca la exposición a insecticidas. El 58% de los niños con LLA en México afirman haber tenido contacto con estos agentes. Los blastos leucémicos portan alteraciones cromosómicas estructurales y/o numéricas que originan la enfermedad, particularmente la fusión *ETV6-RUNX1* y la hiperdiploidía son frecuentes en esta leucemia. El objetivo de este trabajo es detectar la frecuencia de alteraciones en los genes *ETV6* y *RUNX1*, y de aneuploidía de los cromosomas 12, 14/22 y 18 en linfocitos expuestos a malatión y permetrina. Los linfocitos de 2 donadores sanos se cultivaron por 72 h, durante las últimas 24 h se expusieron a malatión o permetrina (200 μ M) y a sus disolventes como controles negativos. Las alteraciones fueron detectadas por FISH; en ensayos independientes se analizaron las sondas *ETV6/RUNX1* y las sondas centroméricas mencionadas. Se revisaron 1,000 núcleos en interfase por condición de análisis/tratamiento, por triplicado, sobre láminas codificadas. El análisis estadístico se realizó con la prueba U de Mann-Whitney ($p < 0.05$). Las alteraciones en el número de copias de *ETV6* y *RUNX1* fueron frecuentemente inducidas por los insecticidas (94% del daño total); las anomalías mayormente observadas fueron *-ETV6*, *-RUNX1* y *+ETV6*. Las alteraciones estructurales fueron menos frecuentes, aunque se presentó la fusión *ETV6-RUNX1* y amplificaciones de ambos genes. Ambos insecticidas causaron daño, aunque sólo fue significativo para la permetrina. Para conocer si las alteraciones del número de copias de los genes se generaron por aneuploidía, se hizo un análisis con sondas centroméricas. Este estudio reveló que la permetrina induce aneuploidía, lo cual no se había referido previamente. Se observaron células con patrones de alteración diversos, incluyendo pérdidas, ganancias o su combinación. La alteración con mayor diferencia, al comparar insecticidas y disolventes, fue la ganancia de cromosomas. El malatión mostró tendencia a generar aneuploidía sin significancia estadística, los patrones de alteración numérica fueron similares a los encontrados con permetrina. Las alteraciones inducidas por la exposición a insecticidas, podrían representar un paso inicial en el desarrollo de LLA. **Agradecimientos:** Fundación Miguel Alemán (P.V.P.), Becas PROBEI (S.M.A.) y Fondos Federales 2012 Secretaría de Salud.

LA EVOLUCIÓN DE LAS ISLAS CpG EN LOS GENES *DDC* Y *AMD* ORIGINADOS POR DUPLICACIÓN EN ESPECIES DE *Drosophila*

Márquez C¹ y Ayala FJ²

¹Facultad de Ciencias, UABC-Ensenada, B.C.

²University of California, Irvine, CA.

cmarquez@uabc.edu.mx

Los genes *Ddc* y *Amd* se originaron por duplicación hace aproximadamente 400 millones de años y codifican para enzimas que participan en el metabolismo de la catecolamina. Existen evidencias que indican que *Amd* evolucionó a una tasa más rápida que *Ddc*, por ello es de interés examinar cómo se encuentran las estructuras internas de los genes, tales como las islas CpG. Los dinucleótidos CpG son escasos en la mayoría de los genomas, y cuando forman agrupamientos no metilados, se les denomina islas CpG, que con frecuencia están asociadas a regiones como los promotores en los genes humanos. En este trabajo se presenta un análisis comparativo de las islas CpG localizadas en el interior de los genes *Ddc* y *Amd* de especies de *Drosophila* y está enfocado en contrastar los cambios ocurridos en características de las islas tales como: 1) longitud, (2) contenido de CG y (3) la relación entre las cantidades observada y esperada de CpG (Obs_{CpG}/Esp_{CpG}). Se obtuvieron las secuencias de las especies *D. melanogaster* y *D. simulans*, en el laboratorio, y otro grupo de secuencias se localizaron en GenBank, luego se procesaron con programas predictores de islas. Entre los resultados se encuentra que las islas están asociadas con los exones de ambos genes, sin embargo en *Ddc* de *D. melanogaster* la isla mayor tiene 464 bases, en tanto que en *Amd*, es de 1027b. La distancia existente entre la isla mayor y la menor en *Ddc* es de 560b, y en *Amd* es de 739b. En *D. yakuba* los datos son cercanos a los de *D. melanogaster*, pero son muy distintos a los de *D. willistoni*, ya que al aplicar los mismos parámetros no se logra detectar una isla CpG en ninguno de los genes, pero cuando se modifica el parámetro de longitud, entonces se detecta una isla pequeña en ambos genes.

DESARROLLO Y CARACTERIZACIÓN DE ORGANISMOS GENÉTICAMENTE MODIFICADOS: TRIGO TOLERANTE A LA SEQUÍA

Saint-Pierre C¹, Pacheco M¹, Yamaguchi-Shinozaki K², Bonnett D¹ y Reynolds M¹

¹Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), Edo. de México

²Japan International Research Center for Agricultural Sciences (JIRCAS), Japan

csaintpierre@cgiar.org

La sequía es uno de los problemas más importantes de la producción agrícola en el mundo. Junto con la escasez de agua subterránea, pone en riesgo la autosuficiencia alimentaria de muchos países, esto agravado por los efectos del cambio climático. Para enfrentar estos desafíos, la transformación de cultivos ha sido una de las áreas donde los científicos de distintas instituciones han aunado sus esfuerzos. Un resultado destacado de estas investigaciones, es la identificación de factores de transcripción que regulan genes involucrados en respuestas fisiológicas complejas asociadas a estreses abióticos. En un proyecto en conjunto con organizaciones líderes como Riken y JIRCAS, y la financiación del Ministerio Japonés de Agricultura, Silvicultura y Pesca (MAFF), el CIMMYT realizó la transformación genética y evaluación de trigos, introduciendo combinaciones de genes (factores de transcripción) y promotores provenientes de plantas de *Arabidopsis thaliana*, arroz, y/o maíz. La transformación del trigo (var. Fielder) se llevó a cabo utilizando el protocolo de transformación que utiliza *Agrobacterium*. Las líneas genéticamente modificadas (GM) se evaluaron en ensayos bajo sequía en el invernadero, para luego ser evaluadas en condiciones de campo, siempre bajo protocolos de bioseguridad regulados por las autoridades competentes y en apego a Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados de México. Al momento, un total de 116 líneas de trigo GM han sido evaluadas por su tolerancia a la sequía en condiciones de campo. Las líneas evaluadas no mostraron efectos pleiotrópicos, ni efectos indeseados al compararse con las líneas control. El comportamiento de las variables fisiológicas fue similar al observado en los controles convencionales. Las líneas más destacadas mostraron -en promedio- un 10% de aumento en el rendimiento bajo sequía en 2 años consecutivos, al compararse con la variedad no transformada (var. Fielder). Los resultados obtenidos a la fecha, constituyen avances claves para entender los mecanismos de respuesta a estreses abióticos y contribuyen al esfuerzo global de búsqueda de tolerancia a la sequía en especies cultivadas.



Trabajos libres

Viernes 4, octubre 2013

Sesión 10



APLICACIÓN DE LA GENÉTICA CLÁSICA PARA EFICIENTIZAR LA TÉCNICA DEL INSECTO ESTÉRIL EN LA MOSCA MEXICANA DE LA FRUTA *Anastrepha ludens*

Zepeda-Cisneros CS, Meza JS, García-Martínez V, Ibañez-Palacios J, de León-Crisóstomo AH y Flores-García HS

Programa Moscafrut. SAGARPA-IICA. Camino a los Cacahotales s/n. C.P. 30860, Metapa de Domínguez, Chiapas México

silvia.zepeda@iica-moscafrut.org.mx

Anastrepha ludens es una de las plagas de frutales más importantes de México, para su control ha sido aplicado desde hace veinte años el Manejo Integrado de plagas que incluye la Técnica del Insecto Estéril (TIE), la cual consiste en la liberación de insectos estériles irradiados. La letalidad dominante es la base de la TIE y es indudablemente la aplicación más exitosa del control genético de insectos. Los rompimientos cromosómicos inducidos por radiaciones ionizantes como el Co^{60} causan imbalance en el cigoto en desarrollo a causa del ciclo rompimiento-fusión-puente. La eficiencia de la TIE se incrementa liberando únicamente machos debido a que este sexo es el único que introduce esterilidad en la población. Translocaciones entre un autosoma y el cromosoma Y fueron utilizadas para desarrollar líneas sexadas genéticamente para uso en el Programa Moscafrut. Los componentes utilizados fueron: 1). La mutación “*black pupae*” elegida porque es recesiva, autosómica y presenta buena expresividad y penetrancia. 2) Translocaciones Y-autosoma inducidas mediante la exposición al Co^{60} . Después de un esquema específico de cruas fueron obtenidas líneas que mostraron pseudoligamiento y progenie sexada mediante la coloración de la pupa, es decir machos emergiendo de pupas cafés (silvestres) y hembras de pupa negra (“*black pupae*”). De diez líneas construidas unas fueron altamente inestables e improductivas y otras por el contrario estables y productivas como la *Tbp-7*. Esta última fue analizada citogenéticamente determinando la estructura de la translocación mediante cromosomas mitóticos y politénicos, además fue objeto de pruebas de estabilidad por varias generaciones presentando el 0.02% de aberrantes por generación a una densidad de 3000 parejas. Por otro lado, con el objetivo de incorporar las propiedades de las inversiones cromosómicas de reducir los niveles de recombinación, la irradiación con Co^{60} fue utilizada para generar una serie de líneas homocigotas con recombinación reducida en el intervalo cromosómico *im-bp*. La estabilidad de la línea *Tbp-7* continúa en estudio para identificar el origen de los aberrantes y mediante la integración de un sistema Filtro se mantiene la cepa pura. Actualmente se producen 7.5 millones de machos a la semana, los cuales están liberándose en la región Soconusco Chiapas.

CAMBIOS COLPOSCÓPICOS INDUCIDOS POR AGENTES BIOLÓGICOS DE ORIGEN VENÉREO EN 67 BIOPSIAS CERVICALES Y EN CITOLÓGICA DE BASE LÍQUIDA

Méndez-Pérez A, Contreras- Huerta S y Carranza-González MD

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

qcpatoex@hotmail.com

El epitelio que reviste la mucosa de cérvix uterino funciona como células centinela en la invasión de agentes biológicos intracelulares, como son Papova, *Chlamydia trachomatis*, *Mycoplasma* y *Neisseria gonorrhoeae*. Estos agentes intracelulares inducen estrés en las células colonizadas, activan el gen MIC-A y la transcripción de IL-15. De igual manera, este mediador activa linfocitos CD8 y genera quimiotaxis en células killer. Ambas células expresan NKG2D, que interactúa con MIC-A favoreciendo la erradicación por apoptosis. En el presente trabajo se estudió una muestra de 67 individuos con enfermedad venérea, se dividieron en 5 grupos que fueron diagnosticados mediante técnicas de PCR, para ello se emplearon biopsias obtenidas en cérvix y de citología en base líquida, a partir de ellas se obtuvo DNA y las regiones génicas se amplificaron con sus respectivos primers, para diagnóstico de los agentes biológicos descritos y se determinó el pH vaginal para descartar la inmunopatogenia asociada a liberación de antígenos endógenos. En el estudio de colposcopia, todas las pacientes presentaron imagen en mosaico placa aceto-positivas y yodo negativos. Se caracterizó el polimorfismo de la región promotora de los genes codificadores de MIC-A y NKG2D. El 17 % de las pacientes con los signos colposcópicos descritos y sometidos a diferentes técnicas de PCR fueron positivas a Virus del Papiloma Humano, seguido de *Chlamydia trachomatis* con el 28 %, *Neisseria gonorrhoeae* 35%, *Mycoplasma* 5% y en el 15% no se encontró agente causal. La expresión de IL15 es elevada. Los cambios colposcópicos obedecen a la respuesta inmunitaria asociada a mucosa inducida por antígenos exógenos de los agentes biológicos que colonizan intracelularmente a la mucosa y endógenos por externalización de proteínas de Shock térmico endógenas.

DISEÑO DE FRUCTANOS *IN VITRO* A PARTIR DE PROTEÍNAS NATIVAS Y RECOMBINANTES CON ACTIVIDAD FRUCTOSILTRANSFERASA

Vizcaíno Rodríguez LA^{1,2}, Mancilla Margalli NA², Brena Becerril A¹ y Arias Castro C²

¹Universidad Politécnica de la Zona Metropolitana de Guadalajara, UPZMG

²Instituto Tecnológico de Tlajomulco Jalisco ITTJ

adyvizcaino7@gmail.com

Los polímeros de fructosa con enlaces glucosídicos tipo β no son hidrolizados por las enzimas del tracto digestivo, por ello se consideran fibra soluble. Son fuente de ácidos grasos de cadena corta al ser fermentados selectivamente por las bífido-bacterias en el intestino grueso, ello promueve disminución del pH e incremento en la absorción de iones Calcio, Magnesio y Hierro. Dichos polímeros, se extraen de plantas de agave, cebolla, ajo, chicoria. El tamaño y la estructura molecular dependen del tipo de planta, son frecuentes los oligosacáridos en plantas jóvenes. Diseñar estas moléculas *in vitro* es posible, mediante la extracción, mezcla e inmovilización de proteínas con diferente actividad fructosiltransferasa. El presente trabajo se realizó en el laboratorio de Análisis Instrumental del ITTJ. Se empleó un diseño experimental de Taguchi, con 9 tratamientos 3 extractos de proteína como factores y 3 niveles: actividad ISST y 6G-FFT (0.003, 0.006 y 0.1 g), 1-FFT recombinante (0.0018, 0.0036 y 0.0054 g) respectivamente, inmovilizados en gel de alginato de calcio. Se emplearon 25 mL de sacarosa 200 mM disuelta en buffer de acetato con pH 5.5 como sustrato. Las variables de respuesta fueron: fructanos, fructosa y pH. Se evaluaron a 3, 8 11 y 21 días. El pH permaneció constante: 5.5 durante los primeros 11 días, posteriormente incremento hasta 7. Se observó actividad de polimerización y de hidrolisis. En la solución, se detectó: fructanos, sacarosa, glucosa y fructosa. La mayor concentración de polímeros se alcanzó en 72 hr en el tratamiento 2 con valor de 0.58 mg/mL. Los resultados coinciden con el modelo de cascada de síntesis *in vitro* de fructanos con grado de polimerización mayor a 15 con enzimas 1-SST y 1-FFT purificadas de *Helianthus tuberosus*. La adición de etanol al 80% V/V, permitió recuperar en el tratamiento 9 un precipitado blanco granuloso, a diferencia del aspecto gelatinoso del resto de tratamientos. Ello se debe a los niveles de enzima empleados en la síntesis de inulinas y fructanos de la neoserie respectivamente. Estos resultados permiten demostrar que es posible diseñar fructanos *in vitro* empleando enzimas nativas o recombinantes.

TRANSFORMACIÓN GENÉTICA DE DOS ESPECIES DE CÍTRICOS CON EL GEN *Attacina A* PARA RESISTENCIA A '*Candidatus Liberibacter spp.*'

Buenrostro-Nava M^{1*}, Gómez-Díaz C¹, Mendoza-Espinoza A¹, Meléndez-Naranjo G¹, Manzo-Sánchez G¹ y Guzmán-González S¹

¹Laboratorio de Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Colima, Autopista Colima-Manzanillo Km. 40, Tecomán, Colima. C.P. 28100

mbuenrostro0@ucol.mx

La bacteria "*Candidatus Liberibacter sp.*" (CLsp.) es el agente causal de la enfermedad de los cítricos conocida como Huanglongbin (HLB), la cual ocasiona cuantiosas pérdidas económicas en las zonas afectadas. La bacteria CLsp. es Gram negativa y vive en el floema de las plantas infectadas, bloqueando así el paso de nutrientes y causando un moteado amarillento y asimétrico en el follaje, aunado a una reducción en la producción y calidad del fruto. Hasta la fecha no existen reportes sobre plantas de cítricos que presenten de manera natural algún tipo de resistencia a esta bacteria, lo cual limita el uso del mejoramiento genético convencional para esta característica. La introducción de péptidos antimicrobianos en diferentes cultivos, con el uso de la ingeniería genética, ha permitido obtener plantas resistentes a diferentes enfermedades causadas por bacterias. En este trabajo se reporta la transformación genética de dos especies de cítricos con el gen *Attacina A* (*AttA*). Explantes de epicótilos de plantas germinadas *in vitro* de limón mexicano [*Citrus aurantifolia* (Christm) Swingle] y del portainjerto *Citrus macrophylla* fueron transformadas usando *Agrobacterium tumefaciens* como vector. Resultados de pruebas histoquímicas del gen reportero β -glucuronidasa (GUS) demostraron que de un total de 12 brotes analizados, 100% presentaron la expresión del gen GUS; mientras que brotes de *C. aurantifolia* (Christm) Swingle, solamente un 50% (6 brotes) fueron positivos. En ambas especies se observó una gran variación en los niveles de expresión del gen reportero. Actualmente se están haciendo las pruebas moleculares para determinar la inserción del gen *AttA* en el genoma de los brotes positivos para la prueba del gen reportero GUS.

POLIMORFISMO DEL GEN DE INTERLEUCINA 1B (IL-1 β) Y SU ASOCIACIÓN CON PERIODONTITIS

Borjas-Galaviz ME, Crespo-Campos A, Lerma K, Rivero-Peña A, De la Mora-Covarrubias A y Jiménez-Vega F*

Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, Instituto de Ciencias Biomédicas, Laboratorio de Biotecnología

fjimenez@uacj.mx

La periodontitis es una patología multifactorial que afecta del 10 al 15 % de la población mexicana, de la cual se desconocen las bases genéticas exactas. Estudios en población chilena, estadounidense, hindú y japonesa, sugieren que los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) +3954 -31 y -511 correspondientes al gen de Interleucina 1B (IL-1B), se encuentra asociado a su desarrollo. Por lo que en la presente investigación se llevó a cabo el análisis de estos polimorfismos dentro de la población de Ciudad Juárez a partir de ADN de muestra salival, mediante estudios de RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism). En el estudio participaron 40 individuos de la clínica de Periodoncia del Instituto de Ciencias Biomédicas de la UACJ, diagnosticados 30 de ellos con periodontitis crónica (grupo de casos) y 10 en ausencia de ella (grupo control), la edad promedio de dicha población fue de 44.9 y 24.3 años respectivamente. Ambos grupos con una proporción de sexos de 70% para el femenino y 30% para masculinos. Tras el análisis de RFLP, el SNP +3954 presentó mayor tasa de expresión con un valor de 82.5% con respecto a SNP-31 y SNP-511 que presentaron 30% y 55% respectivamente. Los resultados muestran que los SNP's +3954 y -511 se expresaron con mayor frecuencia en el grupo de pacientes con problemas periodontales con una diferencia significativa de ($f=0.000$; $p=0.000$) para +3954 y para -511 con ($f=0.025$; $p=0.013$). En cuanto a los factores de riesgo de la enfermedad solo la diabetes se encuentra asociada con la enfermedad de manera significativa ($p=0.042$) con respecto al marcador -511 de IL-1B. Concluyendo que los SNP's +3954 y -511 se encuentra asociados a la población juarense constituyendo un posible marcador de análisis para detección, control y tratamiento de la enfermedad periodontal en la población.

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE GERMOPLASMA DE AGUACATE (*Persea americana* Mill.) CRIOLLO DE MICHOACÁN

Guillén-Andrade H, Lara-Chávez MBN, Torres-Gurrola G, Escalera-Ordaz AK y Tapia-Vargas LM

Unidad de Investigaciones Avanzadas en Agrobiotecnología, Facultad de Agrobiología
“Presidente Juárez”. Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. Paseo General Lázaro
Cárdenas y Berlín S/N. Col. Viveros. C.P. 60170., Uruapan, Michoacán

hguillenandrade@gmail.com

México es considerado como parte del centro de origen del aguacate, lo que representa un compromiso en la conservación de este recurso. En el estado de Michoacán existen genotipos criollos de aguacate, adaptados a esta zona con excelentes atributos para ser utilizados como portainjertos o para su explotación comercial. El objetivo del presente trabajo fue el generar información sobre la variabilidad fenotípica del aguacate (*Persea americana* Mill.) criollo, presente en la franja aguacatera de Michoacán. Se identificaron y colectaron 109 criollos provenientes de 11 municipios del estado. Se hizo la evaluación fenotípica de frutos, semillas y hojas. Se determinó la existencia de diferencias altamente significativas entre colectas en las 19 variables evaluadas. El análisis de componentes principales indicó que las variables de mayor peso para describir la variación fenotípica fueron: peso de fruto, longitud del limbo, diámetro del peciolo, margen del limbo, diámetro de la inserción del pedicelo, sección transversal limbo, así como los índices peso fruto/peso semilla y longitud /ancho del limbo. El análisis de conglomerados mostró la formación de dos grandes grupos; el primero de ellos con tres subgrupos y con cinco subgrupos. Los genotipos incluidos en el primer grupo presentaron frutos (79.45-239.5 g) y semillas (26.8-36.0 g) medianos a grandes, con alto contenido de pulpa (3.19-7.07), hojas de margen ondulado, ápice agudos, diámetro de la inserción del pedicelo de 5.25-7.3 mm. Los genotipos del grupo dos presentaron frutos (68.67-130.25 g) y semillas (23.77-35.56 g) de menor tamaño, menor contenido de pulpa (2.64-4.08), hojas con margen en su mayoría recto, ápices con tendencia a intermedios y el diámetro de la inserción del pedicelo (4.61-5.9 mm), menor que el primer grupo. Los resultados indican la existencia de una amplia variabilidad de germoplasma criollo para ser explotada con diferentes propósitos, incluyendo la producción de portainjertos para ambientes específicos de producción.

ÍNDICE DE AUTORES



AUTOR	PÁGINA
Acosta Tlapalamatl M	175
Aguilar MA	116
Aguilar-Chaparro MA	128
Aguilar-Durán M	167
Aguilar-Ramos KL	161
Aguilera-Reyes U	151
Aguilera-Urquidi I	179
Alarcón A	115
Alarcón AF	172
Alarcón-Angeles G	110
Alcántar-Zavala LA	103
Aley-Medina P	179
Alonso Vilatela E	114
Altamirano-Lozano MA	112 131 156 180
Alvarado-Vanegas S	169
Álvarez-Barrera L	180
Alvarez-Valenzuela R	118
Amador-Muñoz O	188
Ángeles-Anguiano ER	161
Ángeles-Espino A	102
Arceo-Maldonado C	97
Arellano-Llamas MR	126 186
Arias Castro C	211
Arias González JE	158
Arias-Rodriguez L	84 107
Armas-Tizapantzi A	175
Arredondo Valdez AR	134
Arreola H	170
Arteaga-Garibay RI	71 198

AUTOR

PÁGINA

Atonal-Yáñez J	122		
Avelar Ocampo FA	132		
Ávila Rosales AA	108		
Ayala FJ	204		
Ayala-Luján JL	187		
Barba León J	108		
Barbosa-Villa MI	201		
Barrera-Escorcia H	91		
Bautista-Gómez LG	121	151	
Bermúdez-Guzmán MJ	201		
Betancourt-Rule M	112	203	
Blancas FG	172		
Bonilla E	112		
Bonnett D	136	144	205
Borjas-Galaviz ME	213		
Borrayo E	198		
Borrego-López MF	128		
Brena Becerril A	85	211	
Briseño-Gómez CA	103		
Brito Suastegui A	96		
Bucio Sánchez LL	135		
Buenrostro-Nava M	129	195	212
Buentello Volante B	181		
Burgueño J	136	144	
Bustos Arcos P	96		
Cabrera Díaz E	108		
Calderón-Segura ME	139		
Camacho Márquez MA	108		
Campos Contreras J	122	163	169 177
Campos JE	111	179	
Campos Peña V	176		

AUTOR

PÁGINA

Canales MM	111		
Cancino Díaz JC	181		
Cancino-Díaz ME	181		
Canseco Ávila L	193		
Canto-Canche B	129	195	
Canul Montañez ME	171		
Carlos Buenrostro D	132		
Carlos Palestina A	133		
Carmona-Hernández O	164		
Carranza-González MD	210		
Casillas-Pilgram JA	103		
Castañeda Sortibrán AN	197		
Castañeda-Briones MT	110	122	163 169
Castañeda-Partida L	126	186	
Castillejos-López MJ	130	189	
Castillo González F	136		
Castillo-Cadena J	162		
Cázarez-Salazar SG	190		
Ceceña-Duran C	149		
Celis Porras J	125		
Cerda Salas CR	132		
Cervantes Arriega A	114		
Cervantes Díaz L	149		
Cervantes Ríos E	168		
Chavez-Pacheco JL	189		
Chávez-Sandoval BE	122	163	169
Chena-Becerra F	194		
Christen-Gracia JA	136		
Cibrián- Jaramillo A	136		
Contreras- Huerta S	210		
Contreras JA	111		

AUTOR

PÁGINA

Córdova-Téllez L	124		
Cortés Barberena E	123		
Cortes-Cruz M	136		
Cortés-Eslava J	133	143	188
Cortez-Gamboa S	136	144	
Crespo-Campos A	213		
Cruces-Martínez MP	174	182	
Cruz-Atanasio WI	126		
Cruz-Martínez B	196		
Cruz-Pérez NH	183		
Cruz-Vargas L	161		
Dávalos KV	116		
De la Cruz Laina MI	171		
De la Mora-Covarrubias A	213		
De la Torre-Paredes KP	179		
de León-Crisóstomo AH	209		
Del Prado ML	116		
Délano-Frier JP	146		
Díaz Barriga-Arceo S	161		
Díaz López J	114		
Díaz-Camacho SP	190		
Díaz-Jaimes P	184		
Domínguez Arrevillaga S	193		
Domínguez-López M	184		
Dueñas-García IE	126	127	186
Durán-Díaz A	126	127	186
Enríquez Barajas CM	132		
Escalera-Ordaz AK	135	214	
Espinosa-Paz N	136	144	
Espinoza Ruiz M	193		
Espinoza-Banda A	136		

AUTOR

PÁGINA

Espinoza-Villanueva J	179		
Estrada-Campuzano G	136	144	
Estrada-Torres A	115	175	
Falcón-Briceño MYI	163		
Falfán-Valencia R	189		
Félix-Gastélum R	139		
Fernández MS	138	164	196
Figueroa-López P	136	144	
Flores Martínez S	95	134	
Flores Páez LA	181		
Flores-García HS	209		
Flores-Márquez AR	188		
Flores-Maya S	91		
Flores-Montoya KA	183		
Franco Bocanegra D	176		
Franco-Montoya AI	110		
Fuentes-Dávila G	136	144	
Galindo Reyes JG	90		
Galindo-Flores G	115		
Galindo-Pérez EJ	122	163	169
García Rodríguez C	168		
García Sagredo JM	67		
García Sandoval R	197		
García-Cárdenas GP	156		
García-Franco F	122	163	169
García-Hernández A	177		
García-Martínez V	209		
García-Rodríguez MC	156		
García-Román R	145		
García-Tovar CG	161		
Garduño Solórzano G	177		

AUTOR

PÁGINA

Garfias Morales E	171				
Garza Cruz MA	132				
Gil-Muñoz A	150				
Godina-González S	187				
Gómez M	110				
Gómez Ramírez BM	143				
Gómez-Arroyo S	91	133	139	143	188
Gómez-Díaz C	212				
Gómez-Gutiérrez G	120	170			
Gómez-Leyva JF	146	152			
Gómez-Montiel NO	136				
Gonsebatt ME	109				
González Aguilar DG	108				
González Astorga J	178				
González Oliver A	171				
González Zúñiga VM	96				
Gonzalez-Ceniceros F	136				
González-Hernández VA	124				
González-Mendoza D	149				
Gracia-Duran SY	128				
Granados Arriola J	130	189			
Granados-Flores VN	185				
Granados-Montiel J	130	189			
Grimaldo-Juarez O	149				
Guerrero Herrera MJ	136				
Guerrero-Rodríguez J de D	150				
Guevara-Castro AL	110				
Guillén-Andrade H	135	214			
Gutiérrez Cisneros R	178				
Guzmán AL	116				
Guzman Oroztico JJ	191				

AUTOR

PÁGINA

Guzmán-González S	129	195	201	212
Guzmán-Ortiz L	170			
Guzmán-Rincón J	185			
Hearne S	136			
Heres-Pulido ME	126	127	186	
Hernández Casillas JM	136			
Hernández-A	130			
Hernandez-Barrales M	187			
Hernández-Calderón MLI	161			
Hernández-Ceruelos M del CA	161			
Hernández-Cuevas LV	175			
Hernández-de la Cruz H	131			
Hernández-Guzmán J	84	107		
Hernández-Guzmán JA	150			
Hernández-Luis F	127			
Hernández-Muela VM	136	144		
Hernández-Zamora E	89			
Herrera Estrella L	136			
Herrera-Gutiérrez JR	155			
Huerta-Padilla V	170			
Hurtado-De la Peña S	102			
Ibañez-Palacios J	209			
Indy JR	84			
Ireta-Moreno J	136	144		
Islas-Flores I	195			
Jasso Martínez JM	197			
Jasso-Jasso CA	187			
Jiménez-Guzmán J	185			
Jiménez-Vega ER	174			
Jiménez-Vega F	120	155	192	213
Jonapá-Montoya RE	183			

AUTOR

PÁGINA

Juárez Vázquez CI	95	134
Juárez-Millán MA	130	
Klériga-Blanco JDI	163	
Kumate Rodríguez J	139	
Lagarda-Escarrega A	139	
Landero-López L	145	
Lara-Chávez MBN	135	214
Larios L	136	
Leal-Robles AI	152	
León-Hernández SR	89	
Lerma K	213	
Loera Castañeda V	125	
López Díaz JA	192	
López MG	146	
López PA	124	150
López TBP	172	
López-Álvarez F	192	
López-Muraira IG	152	
López-Romero R	170	
López-Sánchez H	124	150
López-Sleman J	170	
Lozada García JA	164	194 196
Lugo Trampe Á	193	
Macías-Carballo M	145	
Mahuku G	136	
Maldonado-Puga S	113	
Mancilla Margalli NA	211	
Manjarrez-Juárez FJ	136	
Mantilla-Morales A	120	
Manzo-Sánchez G	129	195 212
Márquez C	83	204

AUTOR

PÁGINA

Marrero-Rodríguez D	120	170
Martínez CA	136	
Martínez GM	111	
Martínez J	117	157
Martínez Reculez LS	130	
Martínez Rodríguez H	193	
Martínez y Pérez JL	115	178
Martínez-Acuña MI	187	
Martínez-Bolaños L	195	
Martínez-Campos H	103	
Martínez-Castañeda JS	151	
Martínez-García M	169	
Martínez-García M	122	163 177 179
Martínez-Luna G	162	
Martínez-Peña MD	198	
Martínez-Ramírez OC	109	
Martínez-Rueda CG	136	144
Martínez-Valenzuela C	139	
Mateos-Nava RA	180	
Maury Rosillo ME	176	
Medina G	119	
Medina Lerena MS	108	
Mejía CW	172	
Meléndez-Naranjo G	212	
Mena Barranco F	176	
Mena Montes B	176	
Méndez-Leyva AB	119	
Méndez-Pérez A	210	
Mendizabal-Cortés E	175	
Mendoza-Espinoza A	212	
Mendoza-Martínez C	127	

AUTOR

PÁGINA

Mendoza-Rodríguez M	120		
Meraz Ríos MA	120	176	
Mercado-Ruaro P	101		
Meza JS	209		
Meza Meneses M	178		
Meza-Meneses Y	115		
Michel-López CY	101	149	
Michel-Rosales A	101		
Monsalvo RA	111		
Monsalvo Reyes A	122	163	177 179
Montaño-Rodríguez AR	156		
Montero-Ladrón de Guevara H	145		
Montes P	114	173	
Montiel González AM	115	175	178
Morales GM	111		
Morales-Valencia JA	198		
Morán Moguel MC	132		
Moreno-Ramírez Y del R	124		
Muñoz N	170		
Nambo-Lucio MJ	189		
Navarrete-Meneses MP	112	203	
Negrete-Abascal E	113		
Ochoa Ramírez LA	190		
Olimón-Andalón V	190		
Olvera-Romero Z	127		
Orozco-Santos M	129	195	201
Ortega Muñoz A	171		
Ortega y Corona A	136		
Ortega-Avila R	175		
Ortega-Martínez D	139		
Ortiz Muñiz R	123	168	

AUTOR

PÁGINA

Ortiz-León J	120	170
Ortiz-Monasterio I	136	144
Ortiz-Torres E	150	
Osorio-Alcalá L	136	144
Ospina-Noreña JE	185	
Osuna Ramírez I	190	
Pacheco M	205	
Pacheco Martínez MM	168	
Palacios N	136	
Palacios Sánchez N	123	
Palmeros Sánchez B	138	145 194 196
Palomeque-Domínguez HH	183	
Palomino G	117	157
Paniagua L	170	
Paniagua-García L	120	
Paredes-Gutiérrez L	102	
Payne T	136	144
Peña-Bautista RJ	136	144
Peña-Beltrán E	101	
Peralta-García P	156	
Peralta-Nava JA	75	
Pérez España H	158	
Pérez Matínez M	171	
Perez Montaña JA	108	
Pérez Solano JJ	164	
Pérez-Carreón JJ	145	
Pérez-Gómora E	180	
Pérez-Guzmán VA	188	
Pérez-Morales R	109	
Pérez-Padilla R	130	
Pérez-Vera P	112	203

AUTOR

PÁGINA

Pimentel-Peñaloza E	174	182
Pineda Vázquez D	171	
Piña C	116	
Pozo de la Tijera MC	197	
Preciado-Ortiz RE	136	
Puente Revelo AC	133	
Puga-Espinoza E	152	
Quezada Cruz I	193	
Quintana-Bautista ME	179	
Quintanar Zúñiga RE	177	
Quiroz A	115	
Ramírez-Arnaud MB	135	
Ramírez-Díaz JL	136	
Ramírez-Serrano C	102	
Ramos-Zapata JA	175	
Rangel Villalobos H	201	
Reyes A	112	
Reyes-Castillo A	201	
Reyes-Maldonado E	89	
Reynolds M	136	144 205
Rincón-Rosales R	183	
Ríos-Tostado JJ	190	
Ríos-Velasco R	129	
Rivas-Dávila ME	136	
Rivera Madrid R	158	
Rivera-León EA	138	
Rivero-Peña A	213	
Rodríguez Arnaiz R	197	
Rodríguez EAK	172	
Rodríguez Guzmán A	108	
Rodríguez Machuca EY	132	

AUTOR

PÁGINA

Rodríguez Sánchez C	96	
Rodríguez Violante M	114	
Rodríguez Zapata AL	108	
Rodríguez-Mercado JJ	131	180
Rojas Castañeda P	114	173
Roldán-Reyes E	103	
Romero-Morelos P	170	120
Romero-Núñez C	121	151
Romero-Urías C	139	
Ron Parra J	136	
Rosales Reynoso MA	95	134
Rosales-Cruz E	89	
Rosas Carrasco O	176	
Rosas Osorio JC	169	
Rosas-Cipriano A	91	
Rubi-Castellanos R	201	
Rubio J	109	
Ruíz Cabrera A	91	
Ruíz Corral JA	136	
Ruiz Sánchez E	114	173
Ruiz-Bustos E	128	
Ruiz-Paloalto ML	103	
Saint-Pierre C	136	144 205
Salas C	112	203
Salas Monreal D	158	
Salas-del Barco NE	183	
Salas-Pacheco JM	167	
Salazar Flores J	201	
Salazar Páramo M	132	
Salazar-Lezama MA	130	
Salceda-Sacanelles VM	97	185

AUTOR

PÁGINA

Salcedo M	170	
Salcedo-Vargas M	120	189
Salinas ELA	175	
Salinas-García GE	136	144
Salinas-Lara C	130	189
Salvador-Moysén J	167	
Sanabrais MA	203	
Sánchez Corona J	95	134
Sánchez González J	136	
Sánchez González R	193	
Sánchez-Alonso P	113	
Sánchez-Enríquez S	138	
Sánchez-Quiñones AL	119	
Sánchez-Zazueta JG	190	
Santacruz-Varela A	124	
Santamaría RI	96	
Santos-Cruz LF	126	127 186
Sawers R	136	144
Serment-Guerrero JH	162	
Serna-Reyna LH	120	170
Serna-Saldivar SO	136	
Serrano Guzmán E	193	
Shrestha R	136	
Silva Rojas HV	75	
Singh P	136	144
Singh S	136	144
Soca G	144	
Solano-Trujillo AG	138	
Solís-Moya E	136	144
Solorio-López E	189	
Soto-Dorado Luis A	187	

AUTOR

PÁGINA

Stephano Hornedo JL	119	191
Suarez-Contreras H	174	
Suárez-González EM	146	
Taboada-Gaytán OR	150	
Taniguchi-Ponciano K	120	170
Tapia-Vargas LM	214	
Teloxa Meneses HS	143	
Tena-Suck ML	130	
Tópete Reyes JF	132	
Toral Ríos D	176	
Torre Blanco A	171	
Torres-Espíndola LM	130	189
Torres-Gurrola G	135	214
Torres-Montalvo H	136	
Torres-Orozco R	187	
Trachsel S	136	
Trujillo Murillo K	193	
Uribe-Alcocer M	184	
Uribe-Cortés TB	75	
Valadez-Ramírez P	129	
Valderrama Blanco MB	85	
Valdovinos Maravilla JP	132	
Valencia-Bojín AJ	102	
Valencia-Quintana R	162	
Vallejo Delgado HL	136	
Vargas-Requena CL	155	
Vázquez Ramírez R	139	
Vázquez-Alaníz F	167	
Vázquez-Cruz C	113	
Velarde-Félix JS	190	
Velázquez-Anaya F	183	

AUTOR

PÁGINA

Velázquez-Cardelas GA	136			
Velazquez-Cruz R	130	189		
Vidal-Escobar LM	182			
Vidal-Martínez VA	136			
Vikram P	136	144		
Villalobos-Pietrini R	133	139	143	185 188
Villaseñor-Mir HE	136	144		
Villa-Treviño S	161			
Villa-Treviño S	145			
Villegas Sánchez CA	158			
Vinuesa FP	85			
Virgen-Calleros G	102			
Vizcaíno Rodríguez LA	85	211		
Waliszewski S	139			
Wenzl P	136	144		
Willcox M	136			
Yamaguchi-Shinozaki K	205			
Yescas Gómez P	114			
Zamora-Villa V	136	144		
Zapata-Sosa I	187			
Zavala-Hernández C	89			
Zenteno JC	181			
Zenteno-Alegría CO	183			
Zepeda-Cisneros CS	209			

ÍNDICE POR INSTITUCIÓN



INSTITUCIÓN

PÁGINA

BIDA Sem

136

Carrera de Biología. FES Iztacala. UNAM

113

Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM

139 185

Centro de Investigación Biomédica de Occidente del IMSS

132

Centro de Investigación en Ciencias Biológicas y Postgrado en Ciencias
Biológicas, Universidad Autónoma de Tlaxcala.

175

Centro de Investigación en Matemáticas A.C.

136

Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Salud Animal (CIESA)-
FMVZ, Universidad Autónoma del Estado de México (UAEMex)

151

Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad Veracruzana, Xalapa,
México

139

Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, BUAP

113

Centro de Medicina Genómica del Hospital General de Culiacán

190

Centro Instituto Nacional de Antropología e Historia de Quintana Roo,
México.

171

Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT)

136 144 205

Centro Médico Nacional Siglo XXI

189

Centro Mesoamericano de Estudios en Salud Pública y Desastres, Chiapas

193

Centro Nacional de Recursos Genéticos, Instituto Nacional de
Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias

198

Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad
de Guadalajara

102 108

Centro Universitario de la Ciénega. Universidad de Guadalajara

102

CIIDIR-Durango Instituto Politécnico Nacional

125

CINVESTAV Campus Guanajuato

146

Clínica de Displasias, Hospital General de México, S.S.

120

Colegio de la Frontera Sur, Unidad Chetumal

197

Colegio de Postgraduados

136

Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo

71 124

Colegio de Postgraduados, Campus Puebla

124 139 150

INSTITUCIÓN

PÁGINA

Cuerpo Académico Inmunogenética y Evolución UAS-CA-265, Unidad Académica Escuela de Biología, Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS)

190

Cuerpo Académico Salud Pública UAS-CA-103 de la Facultad de Ciencias Químico Biológicas-UAS

190

Departamento de Biología Celular. Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional

145

Departamento de Biología Comparada, Facultad de Ciencias, UNAM

197

Departamento de Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, A.C.

178

Departamento de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Juárez del Estado de Durango

109

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, UNAM

171

Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares

97

162

185

Departamento de Biomateriales. Instituto de Investigación en Materiales UNAM

116

Departamento de Biomedicina Molecular, Centro de Investigación y Estudios Avanzados del IPN

120

176

Departamento de Bioquímica y Medicina Molecular, Facultad de Medicina, UANL, Chiapas

193

Departamento de Botánica, Instituto de Biología, UNAM

101

Departamento de Ciencias Básicas, UAM-Azcapotzalco

110

122

163

Departamento de Ciencias Computacionales, Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingenierías, Universidad de Guadalajara

198

Departamento de Ciencias de la Salud, UAM Iztapalapa

116

172

203

Departamento de Ciencias Químico Biológicas, Universidad de Sonora

128

Departamento de Farmacia. Facultad de Química, UNAM

127

Departamento de Genética, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, Manuel Velasco Suarez

114

Departamento de Ingeniería Eléctrica y Electrónica del Instituto Tecnológico de Durango

125

Departamento de Ingeniería Química y Bioquímica, Instituto Tecnológico de Chetumal

158

INSTITUCIÓN

PÁGINA

Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM	109
Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología, UNAM	85
Departamento de Patología Experimental, Facultad de Medicina, Universidad Veracruzana	210
Departamento de Recursos del Mar, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN, Unidad Mérida.	158
Departamento de Sistemas Biológicos, UAM-Xochimilco	110
División Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco	84
División de Medicina Molecular. Centro de Investigación Biomédica de Occidente, CIBO, IMSS	95
División de Posgrado. Centro de Innovación y Desarrollo Educativo-Centro de Estudios "Justo Sierra", CIDE-CEJUS	118
Doctorado en Ciencias Biomédicas de la Universidad de Guadalajara	132
Doctorado en Ciencias de Enfermería, Universidad de Guanajuato	103
Doctorado en Ciencias para la Salud. Consorcio de Ciencias de la Salud, Chiapas	193
Escuela Nacional Preparatoria No. 2 "Erasmus Castellanos Quinto"	143
Escuela Nacional Preparatoria No. 8 "Miguel E. Schulz", UNAM	133
Escuela Nacional Preparatoria No. 9 "Pedro de Alba", UNAM	133
Facultad de Agrobiología, Licenciatura en Biología. UATx.	175
Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala	162
Facultad de Biología. Universidad Veracruzana	145
Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Colima	129
Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Autónoma de Sinaloa	90
Facultad de Ciencias, UABC	83
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Autónoma de Yucatán	175
Facultad de Medicina, Universidad de Alcalá, Madrid, España	67
Facultad de Química, Universidad Autónoma del Estado de México	162

INSTITUCIÓN

PÁGINA

FES Iztacala, UNAM

122 130 163

FES-Zaragoza

112

Fundación IMSS

139

Genética Médica, Hospital Universitario Ramón y Cajal, España

67

Herbario IZTA, FES, Iztacala, UNAM

177

Hospital General Regional 46

132

Hospital General Zacatecas “Luz González Cosío”

187

Hospital Regional de Alta Especialidad Ixtapaluca

176

HRAE “Ciudad Salud”, Chiapas

193

ICAMEX

136

INIFAP-Campo Experimental Tecomán

195

Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez

192

Instituto de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

161

Instituto de Ciencias Marinas y Pesquerías, Universidad Veracruzana

158

Instituto de Investigación Científica, Universidad Juárez del Estado de Durango

167

Instituto de Investigación en Ambiente y Salud, Universidad de Occidente.

139

Instituto de Investigación en Genética Molecular, Universidad de Guadalajara

202

Instituto de Oftalmología Fundación Conde de Valenciana

181

Instituto de Salud Pública. Universidad Veracruzana

145

Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición

130 189

Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias

130 189

Instituto Nacional de Geriátría

176

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP)

129 136 144

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares

102

Instituto Nacional de Medicina Genómica

145 189

INSTITUCIÓN

PÁGINA

Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía “Manuel Velasco Suarez”	176
Instituto Nacional de Rehabilitación	130 189
Instituto Politécnico Nacional, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas. Unidad Profesional Lázaro Cárdenas	181
Instituto Tecnológico de Tlajomulco	146 211
Instituto Tecnológico Superior de Comalcalco	84 107
Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey.	136
Japan International Research Center for Agricultural Sciences (JIRCAS)	205
Laboratorio Central de Patología Clínica, INR	89
Laboratorio Clínico de Enfermedades Neurodegenerativas, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, Manuel Velasco Suarez	114
Laboratorio de Biología Celular CINVESTAV Zacatenco	161
Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo. Departamento de Ciencias de la Salud. División de Ciencias Biológicas y de la Salud. UAM Unidad Iztapalapa	123 168
Laboratorio de Biología Molecular y Cultivo de Tejidos Vegetales, Universidad de Colima	201
Laboratorio de Biología Molecular, Centro de Investigación en Ciencias Biológicas y Postgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Tlaxcala	115 178
Laboratorio de Biología Molecular, Instituto Tecnológico de Tlajomulco	152
Laboratorio de Biología Molecular, Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez	183
Laboratorio de Bioquímica Molecular, FES, Iztacala, UNAM	169 177
Laboratorio de Bioquímica Molecular, Unidad de Biotecnología y Prototipos, FES Iztacala, UNAM	111 179
Laboratorio de Bioquímica, Departamento de Biología Molecular y Genómica, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara	138
Laboratorio de Biotecnología Agrícola, Instituto de Ciencias Agrícolas (ICA-UABC), UABC	149

INSTITUCIÓN

PÁGINA

Laboratorio de Biotecnología de Plantas. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Campo Experimental Tecomán

201

Laboratorio de Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Colima

101 195 212

Laboratorio de Biotecnología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez

213

Laboratorio de Biotecnología, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez

120 155

Laboratorio de Citogenética Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM

91

Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis, FES-Zaragoza, UNAM

103

Laboratorio de Citogenética, Jardín Botánico, Instituto de Biología, UNAM

117 157

Laboratorio de Citología, Departamento de Morfología. ENCB, IPN

89

Laboratorio de Conducta Animal, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma del Estado de México

151

Laboratorio de Cultivo de Tejidos, Departamento de Investigación en Genética Humana, Instituto Nacional de Pediatría.

112 203

Laboratorio de Diagnóstico Molecular, Facultad de Ciencias Químicas, Chiapas

193

Laboratorio de Ecología Evolutiva y Laboratorio de Toxicología Ambiental. Facultad de Biología Xalapa, Universidad Veracruzana

164

Laboratorio de Farmacología, Instituto Nacional de Pediatría

130 189

Laboratorio de Fisiología Vegetal, UBIPRO, FES, Iztacala, UNAM

177

Laboratorio de Genética de Drosophila, Departamento de Biología, ININ

174 182

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

184

Laboratorio de Genética Toxicológica. FES Iztacala, UNAM

126 127 186

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

197

Laboratorio de Genotoxicología Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM

133 143 188

Laboratorio de Medicina FES Iztacala, UNAM

91

Laboratorio de Microbiología Ambiental, Departamento de Ciencias Básicas, UAM-Azcapotzalco

169

Laboratorio de Microscopia, FES Iztacala, UNAM

91

INSTITUCIÓN

PÁGINA

Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM	133	143	188
Laboratorio de Neuromorfología Experimental y Aplicada, Unidad de Investigación Interdisciplinaria de Ciencias de la Salud y Educación, FES Iztacala, UNAM	179		
Laboratorio de Neurotoxicología, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, "Manuel Velasco Suárez"	114	173	
Laboratorio de Oncología Genómica, Hospital de Oncología, Centro Médico Nacional Siglo XXI, IMSS	120	170	
Laboratorio de Patología, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía	130		
Laboratorio de Química Medicinal, FES Cuautitlán, UNAM	161		
Laboratorio de Recursos Naturales, UBIPRO, FES Iztacala, UNAM	91		
Laboratorio de Toxicología y Laboratorio de Ecología Evolutiva, Facultad de Biología Campus Xalapa, Universidad Veracruzana	196		
Laboratorio de Toxicología, Facultad de Biología <i>campus</i> Xalapa, Universidad Veracruzana	138	194	
Laboratorio del Metabolismo Óseo, Instituto Nacional de Medicina Genómica	130		
Laboratorio Dra. Meredith Gould, Facultad de Ciencias. UABC	119		
Laboratorio Genética y Toxicología, FES Cuautitlán, UNAM	161		
Laboratorio Meredith Gould, Facultad de Ciencias, UABC	191		
Laboratorio Morfología Veterinaria y Biología Celular de la FES Cuautitlán, UNAM.	161		
Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad, CINVESTAV	136	144	
Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala	178		
Licenciatura en Biología Experimental, UAM-Iztapalapa	203		
Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia, Centro Universitario UAEM Amecameca	121	151	
Maestría en Ciencias Biológicas, UATx	115		
Maestría en Ciencias Biomédicas, UAS	190		
Pioneer México	136		

INSTITUCIÓN

PÁGINA

Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM	180
Postgrado en Edafología, Colegio de Postgraduados Campus Montecillo, Estado de México	115
Preparatoria Guasave “Diurna”, Universidad Autónoma de Sinaloa	118
Programa de Ecología Genómica, Centro de Ciencias Genómicas, UNAM	85
Programa de Genómica Evolutiva, Centro de Ciencias Genómicas, UNAM	96
Programa de Posgrado en Biología Experimental UAM-Iztapalapa (Doctorado)	168
Programa Moscafrut, SAGARPA-IICA	209
Red Investigación bioquímica, molecular y celular de la interacción de genes y sus productos de expresión en los sistemas biológicos	138
Servicio de anatomía patológica. Centro de Especialidades Médicas del Estado de Veracruz, “Dr. Rafael Lucio”	145
Servicio de Genética, INR	89
Servicio de Patología, Hospital de Oncología, CMN SXXI, IMSS	120
UAM Unidad Lerma	185
UBT y UBBMP, CICY	195
Unidad Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Zacatecas	187
Unidad Académica de Ciencias Químicas, Ciudad Universitaria Campus UAZ Siglo XXI, Universidad Autónoma de Zacatecas, “Francisco García Salinas”	187
Unidad de apoyo a la Investigación, INR	89
Unidad de Bioquímica y Biología Molecular de Plantas, Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C.	158
Unidad de Biotecnología Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY)	129
Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental, Laboratorio 5-PA de la UMIEZ. FES-Zaragoza. UNAM.	131 156 180

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental. Bioterio FES Zaragoza Campus II, UNAM	168
Unidad de Investigaciones Avanzadas en Agrobiotecnología, Facultad de Agrobiología "Presidente Juárez". Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo	135 214
Unidad Médica de Alta Especialidad Centro Médico Nacional de Occidente del IMSS	132
Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro	136 144
Universidad Autónoma Chapingo	195
Universidad Autónoma de Guerrero	96
Universidad Autónoma del Estado de México	136 144
Universidad de Guadalajara	132 136
Universidad de Guanajuato Campus Celaya-Salvatierra	103
Universidad de la Ciénega del Estado de Michoacán de Ocampo	152
Universidad Guadalajara Lamar	132
Universidad Politécnica de Francisco I. Madero	136 144
Universidad Politécnica de la Zona Metropolitana de Guadalajara	85 211
University of California	204



ÍNDICE POR ENTIDAD



Entidad	Página						
Baja California	83	119	149	191	204		
California USA	204						
Chiapas	183	193	209				
Chihuahua	120	155	192	213			
Coahuila	136	144					
Colima	101	129	195	201	212		
Cuernavaca	85	96					
Durango	109	125	167				
Estado de México	71	91	97	102	111	113	
	115	121	122	124	126	127	
	130	136	144	151	161	162	
	163	169	174	176	177	179	
	182	185	186	195	205		
Guanajuato	103	136	146	144			
Guerrero	96						
Hidalgo	136	144	161				
Jalisco	85	95	102	108	132	134	136
	138	146	152	198	202	211	
Japón	205						
Madrid, España	67						
México, D.F.	89	91	101	103	109	110	112
	114	116	117	120	122	123	127
	130	131	133	136	139	143	145
	156	157	161	163	168	169	170
	171	172	173	176	180	181	184
	188	189	197	203			
Michoacán	152	135	214				
Morelos	96						
Nuevo León	136						

Entidad

Página

Puebla	113	124	139	150
Quintana Roo	158	171	197	
Sinaloa	90	118	139	190
Sonora	128			
Tabasco	84	107		
Tlaxcala	115	162	175	178
Veracruz	138	139	145	158
	178	194	196	210
Yucatán	129	158	175	195
Zacatecas	187			

ÍNDICE POR RESUMEN



CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013 001	ESTRUCTURA Y RELACIONES GENÉTICAS ENTRE POBLACIONES MESTIZAS DE MÉXICO RESPECTO A EL CARIBE Y LATINOAMÉRICA A PARTIR DE STRS DEL CODIS	Rangel Villalobos H, Salazar Flores J y Rubi-Castellanos R	202
CNG2013 002	ESTUDIO CITOGENÉTICO EN TORTUGAS DULCEACUÍCOLAS DE TABASCO	Hernández-Guzmán J, Arias-Rodriguez L y Indy JR	84
CNG2013 003	ESTUDIO CARIOTÍPICO EN ANFIBIOS Y SU RELACIÓN CON AMBIENTES CONTAMINADOS DE TABASCO	Hernández-Guzmán J y Arias-Rodriguez L	107
CNG2013 004	GENOTIPOS COMBINADOS - 509CT/869TC DEL GEN <i>tgf-β1</i> EN PACIENTES CON PREECLAMPSIA	Salas-Pacheco JM, Vázquez-Alaníz F, Salvador-Moysén J y Aguilar-Durán M	167
CNG2013 005	CARACTERIZACIÓN MOLECULAR POR PFGE DE CEPAS de <i>Salmonella typhimurium</i> AISLADAS DE CANALES Y CARNE MOLIDA DE BOVINO PROVENIENTES DEL ESTADO DE JALISCO	Barba León J, Rodriguez Zapata AL, Ávila Rosales AA, Medina Lerena MS, Camacho Márquez MA, Rodríguez Guzmán A, González Aguilar DG, Perez Montaña JA y Cabrera Díaz E	108
CNG2013 006	FRECUENCIA DE MICRONÚCLEOS EN RETICULOCITOS Y ERITROCITOS DE RATAS CON DESNUTRICIÓN MODERADA	Pacheco Martínez MM, Cervantes Ríos E, García Rodríguez C y Ortiz Muñiz R	168
CNG2013 007	PARTICIPACIÓN DE LA ENZIMA MGMT EN LA FORMACIÓN DE ADUCTOS EN DNA DE FUMADORES POR COMPUESTOS PRESENTES EN EL TABACO Y EN LOS CONTAMINANTES AÉREOS DE LA CIUDAD DE MÉXICO	Martínez-Ramírez OC, Pérez-Morales R, Gonsebatt ME y Rubio J	109
CNG2013 008	IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE LOS MICROORGANISMOS <i>Aspergillus sp.</i> Y <i>Achlya sp.</i> PARA EL DISEÑO DE SONDAS ESPECÍFICAS EN GENOSENSORES	Chávez-Sandoval BE, Castañeda-Briones MT, García-Franco F, Martínez-García M, Campos-Contreras JE, Alvarado-Vanegas S, Galindo-Pérez EJ y Rosas Osorio JC	169

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
009

DISEÑO DE SONDAS DEL GEN BRCA1 Y BRCA2, PARA LA CONSTRUCCIÓN DE UN GENOSENSOR PARA SER APLICADO EN LA DETECCIÓN DE CÁNCER DE MAMA

Alarcón-Angeles G, Chávez-Sandoval BE, Franco-Montoya AI, Guevara-Castro AL, Castañea-Briones MT, García-Franco F y Gómez M

110

CNG2013
010

CONECTIVIDAD GENÉTICA ENTRE ARRECIFES CORALINOS DEL ATLÁNTICO MEXICANO: EL CASO DE LA DAMISELA BICOLOR, *Stegastes partitus*

Villegas Sánchez CA, Pérez España H, Rivera Madrid R, Salas Monreal D y Arias González JE

158

CNG2013
011

CALIDAD ESPERMÁTICA, DAÑO AL ADN Y SU ASOCIACIÓN CON LOS POLIMORFISMOS DE GST EN FLORICULTORES DE VILLA GUERRERO, MÉXICO

Martínez-Luna G, Castillo-Cadena J, Serment-Guerrero JH y Valencia-Quintana R

162

CNG2013
012

EXPRESIÓN DEL GEN KISS1 A PARTIR DE ANÁLISIS *IN SILICO* Y EN TEJIDO DE CÁNCER CÉRVICOUTERINO

Taniguchi-Ponciano K, Marrero-Rodríguez D, Muñoz N, Arreola H, Romero-Morelos P, López-Sleman J, Huerta-Padilla V, Guzmán-Ortiz L, Paniagua L, Ortiz-León J, Serna-Reyna LH, Gómez-Gutiérrez G, López-Romero R y Salcedo M

170

CNG2013
013

USO DE ESPACIADORES TRANSCRITOS INTERNOS DEL ARNr EN LA CARACTERIZACIÓN DE MACROMICETOS DEL MUNICIPIO DE VILLA DEL CARBÓN, MÉXICO

Contreras JA, Campos JE, Morales GM, Monsalvo RA, Canales MM y Martínez GM

111

CNG2013
014

ANÁLISIS DEL DNA MITOCONDRIAL EN POBLACIONES MAYAS DE LA PENÍNSULA DE YUCATÁN

Pineda Vázquez D, González Oliver A, Pérez Matínez M, Garfias Morales E, De la Cruz Laina MI, Canul Montañez ME, Ortega Muñoz A y Torre Blanco A

171

CNG2013
016

EVALUACIÓN DE LA CITOGENOTOXICIDAD DE UNA CERVEZA ELABORADA INDUSTRIALMENTE Y OTRA ARTESANAL USANDO LA PRUEBA DE MICRONÚCLEOS EN *Vicia faba*

Rosas-Cipriano A, Flores-Maya S, Barrera-Escorcia H, Gómez-Arroyo S y Ruíz Cabrera A

91

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
017

LA EXPOSICIÓN A PERMETRINA Y
MALATIÓN INDUCE ALTERACIONES EN
EL GEN *MLL*, ASOCIADO A LEUCEMIA
LINFOBLÁSTICA AGUDA

Navarrete-Meneses MP, Betancourt-
Rule M, Bonilla E, Altamirano M,
Reyes A, Salas C y Pérez Vera SP

112

CNG2013
018

PRUEBAS DE CITOTOXICIDAD DEL
EXTRACTO ACUOSO DE *Cucurbita*
ficifolia BOUCHÉ EN CULTIVOS DE
LINFOCITOS HUMANOS

Mejía CW, López TBP, Rodríguez
EAK, Blancas FG y Alarcón AF

172

CNG2013
019

ELABORACIÓN DE UN CARTUCHO PARA
LA INTERRUPCIÓN DEL GEN *fur* DE
Gallibacterium anatis 12656-12

Maldonado-Puga S, Sánchez-Alonso P,
Negrete-Abascal E y Vázquez-Cruz C

113

CNG2013
020

ESTANDARIZACIÓN DE LA DISMINUCIÓN
DEL FACTOR DE TRANSCRIPCIÓN
NURR1 EN UN MODELO DE ESTRÉS
PRENATAL

Montes P, Rojas Castañeda P y Ruiz
Sánchez E

173

CNG2013
021

POLIMORFISMO RS35204829 DEL GEN
NR4A2 EN POBLACIÓN MEXICANA CON
ENFERMEDAD DE PARKINSON

Ruiz Sánchez E, Alonso Vilatela E,
Rodríguez Violante M, Yescas Gómez
P, Cervantes Arriega Amin, Montes P,
Díaz López J y Rojas Castañeda P

114

CNG2013
022

MODULACIÓN DEL ESTRÉS OXIDANTE
INDUCIDO POR LA CASIOPEÍNA® (CAS
II-GLY) Y RADIACIÓN GAMMA
MEDIADO POR TETRAPIRROLES EN
Drosophila melanogaster

Jiménez-Vega ER, Pimentel-Peñaloza
E, Cruces-Martínez MP y Suarez-
Contreras H

174

CNG2013
023

GENERACIÓN DE UN MARCADOR
MOLECULAR TIPO PCR-RFLP PARA
HONGOS ECTOMICORRIZÓGENOS *Suillus*
brevipes E *Inocybe dulcamara*

Meza-Meneses Y, Galindo-Flores G,
Quiroz A, Martínez y Pérez JL,
Estrada-Torres A, Alarcón A y
Montiel-González AM

115

CNG2013
024

CAMBIOS EN EL NÚMERO MÍNIMO DE
ESPECIES DE HMA POR EFECTO DE LA
PERTURBACIÓN EN SUELOS DE DUNAS
COSTERAS DE LA RESERVA DE LA
BIÓSFERA "RÍA LAGARTOS", YUCATÁN,
MÉXICO

Mendizabal-Cortés E, Armas-
Tizapantzi A, Ortega-Avila R, Acosta
Tlapalamatl M, Montiel-González AM,
Hernández-Cuevas LV, Estrada-Torres
A, Salinas ELA y Ramos-Zapata JA

175

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
025

DIVERSIDAD GENÉTICA MEDIANTE
MARCADORES ISSR PARA EL AGAVE
MEZCALERO (*Agave americana* CV
CHATO) DE LA REGIÓN CIENEGA DEL
ESTADO DE MICHOACÁN

Puga-Espinoza E, Gómez-Leyva JF,
López-Muraira IG y Leal-Robles AI

152

CNG2013
026

POLIMORFISMOS EN GENES DEL
PROCESAMIENTO DE APP Y SU
ASOCIACIÓN CON LA ENFERMEDAD DE
ALZHEIMER TIPO ESPORÁDICO

Mena Montes B, Rosas Carrasco O,
Maury Rosillo ME, Toral Ríos D,
Franco Bocanegra D, Mena Barranco
F, Meraz Ríos MA y Campos Peña V

176

CNG2013
027

EVALUACIÓN *IN VITRO* DE LA
BIOCOMPATIBILIDAD DE COLÁGENO TIPO
1 LÍQUIDO PROVENIENTE DE TENDÓN DE
BOVINO EN LA LÍNEA CELULAR L929

Guzmán-Ortiz AL, Del Prado AML,
Dávalos de la Cruz K, Aguilar SMA y
Piña-Barba C

116

CNG2013
028

FICOFLOA DE ZAPOTITLÁN SALINAS,
VALLE DE TEHUACÁN, PUEBLA

García-Hernández A, Martínez-García
M, Garduño Solórzano G, Campos
Contreras J, Monsalvo Reyes A y
Quintanar Zúñiga RE

177

CNG2013
029

MICRONÚCLEOS Y DAÑO NUCLEAR EN
LINFOCITOS DE ENFERMERAS
EXPUESTAS A CITOSTÁTICOS

Briseño-Gómez CA, Alcántar-Zavala
LA, Martínez-Campos H, Casillas-
Pilgram JA, Ruiz-Paloalto ML y
Roldán-Reyes E

103

CNG2013
030

CITOTIPOS EN *Agave parviflora* TORR.
ssp. flexiflora (AGAVACEAE)

Palomino G y Martínez J

157

CNG2013
031

ESTUDIO CROMOSÓMICO Y CONTENIDO
DE ADN EN *Agave angustifolia* Y SUS
VARIETADES CIMARRÓN Y LINEÑO DE
JALISCO

Martínez J y Palomino G

117

CNG2013
032

MARCADORES BIOLÓGICOS Y FACTORES
DE RIESGO DE TROMBOFILIA, EN
PACIENTES ADULTOS MAYORES Y
DONADORES SANOS MAYORES ≥ 50 AÑOS

Hernández-Zamora E, Zavala-
Hernández C, León-Hernández SR,
Rosales-Cruz E y Reyes-Maldonado E

89

CNG2013
033

LA EPIGENÉTICA DESDE LA PERSPECTIVA
EVOLUTIVA Y LA RAZÓN A LAMARCK

Alvarez-Valenzuela R

118

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
034

VARIACIÓN GENÉTICA DE *Asclepias contrayerba* SESSÉ & MOC. (APOCYNACEAE: ASCLEPIADOIDEAE)

Gutiérrez Cisneros R, Meza Meneses M, Martínez y Pérez JL, González Astorga J y Montiel González AM

178

CNG2013
035

EXPRESIÓN TRANSITORIA DE HEMAGLUTININA DEL VIRUS DE INFLUENZA A/H1N1 EN *Dunaliella salina*

Méndez-Leyva AB, Medina G, Sánchez-Quiñones AL y Stephano-Hornedo JL

119

CNG2013
036

EVALUACIÓN DEL EFECTO ANTIGENOTÓXICO DE 3 COMPUESTOS ANÁLOGOS DEL ÉSTER FENETÍLICO DEL ÁCIDO CAFEÍCO (CAPE), MEDIANTE EL ENSAYO DE ELECTROFORESIS UNICELULAR EN GEL

Hernández-Calderón ML, Cruz-Vargas L, Aguilar-Ramos KL, Hernández-Ceruelos M del CA, Ángeles-Anguiano ER, García-Tovar CG, Villa-Treviño S y Díaz Barriga-Arceo S

161

CNG2013
037

EXPRESIÓN DE PROTEÍNAS INMUNOMODULADORAS COMO LOS FACTORES TIPO KRUPPEL 5, 6, 9 Y 10 Y GLICOPROTEÍNAS ESPECÍFICAS DEL EMBARAZO EN TEJIDOS DE CÁNCER CERVICAL

Marrero-Rodríguez D, Taniguchi-Ponciano K, Romero-Morelos P, Mendoza-Rodríguez M, Paniagua-García L, Gómez-Gutiérrez G, Serna-Reyna L H, Ortiz-León J, Meraz-Ríos M, Mantilla-Morales A, Jiménez-Vega F y Salcedo-Vargas M

120

CNG2013
038

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS DEL GÉNERO *Halomonas* DE ZAPOTITLÁN SALINAS, PUEBLA MÉXICO

Aguilera-Urquidi I, Quintana-Bautista ME, De la Torre-Paredes KP, Espinoza-Villanueva J, Aley-Medina P, Campos JE, Monsalvo-Reyes A y Martínez-García M

179

CNG2013
039

LA EXPOSICIÓN A PERMETRINA Y MALATIÓN INDUCE ALTERACIONES EN LOS GENES *ETV6* Y *RUNX1* Y ANEUPLOIDÍA EN LINFOCITOS HUMANOS *IN VITRO*

Pérez-Vera P, Sanabrais MA, Betancourt M, Navarrete-Meneses MP y Salas C

203

CNG2013
040

ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DEL PECARÍ DE COLLAR (*Pecari tajacu*), UTILIZANDO MICROSATÉLITES DE CERDO DOMÉSTICO (*Sus scrofa*)

Bautista-Gómez LG, Martínez-Castañeda JS, Romero-Núñez C y Aguilera-Reyes U

151

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
041

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE
Toxocara spp. EN SUELOS COMO
FACTOR DE RIESGO PARA TOXOCARIOSIS
HUMANA. (PRELIMINAR)

Romero-Núñez C y Bautista-Gómez L
G

121

CNG2013
042

DETERMINACIÓN MOLECULAR DE LOS
MICROORGANISMOS AISLADOS DE
MUESTRAS DE AIRE EN SITIOS ABIERTOS
Y CERRADOS DE LA UAM
AZCAPOTZALCO

García-Franco F, Klériga-Blanco JDI,
Chávez-Sandoval BE, Castañeda-
Briones MT, Falcón-Briceño MYI,
Martínez-García M, Campos-Contreras
JE y Monsalvo-Reyes AC y Galindo-
Pérez EJ

163

CNG2013
043

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE
MICROORGANISMOS PRESENTES EN EL
PROCESO DE OBTENCIÓN DE BIOETANOL
DE RESIDUOS ORGÁNICOS DE FRUTA

Atonal-Yáñez J, Galindo-Pérez EJ,
Chávez-Sandoval BE, Castañeda-
Briones MT, Martínez-García M,
Campos-Contreras JE, Monsalvo-
Reyes AC y García-Franco F

122

CNG2013
044

EFFECTO DEL TRIÓXIDO DE VANADIO
SOBRE LA PROLIFERACIÓN CELULAR DE
LEUCOCITOS HUMANOS

Mateos-Nava RA, Pérez-Gómora E,
Rodríguez-Mercado JJ, Álvarez-
Barrera L y Altamirano-Lozano MA

180

CNG2013
045

CAMBIOS COLPOSCÓPICOS INDUCIDOS
POR AGENTES BIOLÓGICOS DE ORIGEN
VENÉREO EN 67 BIOPSIAS CERVICALES Y
EN CITOLÓGICA DE BASE LÍQUIDA

Méndez-Pérez A, Contreras-Huerta S y
Carranza-González MD

210

CNG2013
046

GENOTIPIFICACIÓN DE *Staphylococcus
epidermidis* AISLADOS DE INFECCIONES
OCULARES, CONJUNTIVA SANA Y PIEL
SANA POR EL MÉTODO DE SECUENCIAS
MULTILOCUS

Flores Páez LA, Zenteno JC, Buentello
Volante B, Cancino-Díaz ME y
Cancino Díaz JC

181

CNG2013
047

ALTERACIONES EN LA PROLIFERACIÓN
DE CÉLULAS MESENQUIMALES DE RATAS
DESNUTRIDAS

Cortés Barberena E, Palacios Sánchez
N y Ortiz Muñiz R

123

CNG2013
048

SELECCIÓN DE LÍNEAS ENDOGÁMICAS
DE MAÍZ DE ORIGEN TROPICAL PARA EL
ALTIPLANO POBLANO

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

150

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
049

POTENCIAL DE RENDIMIENTO DE
VARIEDADES NATIVAS DE CHILE
GUAJILLO DE ZACATECAS, MÉXICO

Moreno-Ramírez Y del R, López-
Sánchez H, López P A, Santacruz-
Varela A, González-Hernández V A y
Córdova-Téllez L

124

CNG2013
050

ACCIÓN INHIBIDORA DE LA
PROTOPORFIRINA-IX DEL DAÑO
GENÉTICO INDUCIDO POR LA CASIOPEÍNA
(CAS III-E-A) Y EL TRIÓXIDO DE
CROMO (CrO_3)

Vidal-Escobar LM, Pimentel-Peñaloza
E y Cruces-Martínez MP

182

CNG2013
051

EFFECTO CITOGÉNÉTICO Y
TOXICOLÓGICO DEL COBRE (Cu^{2+}) EN
CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE LA RAÍZ
DE *Prosopis juliflora* (SW)

Michel-López CY, González-Mendoza
D, Grimaldo-Juarez O, Ceceña-Duran
C y Cervantes Díaz L

149

CNG2013
052

HUELLAS GENÓMICAS PARA ESTUDIO DE
LA DIVERSIDAD DE BACTERIAS
ASOCIADAS AL *Agave americana*

Palomeque-Domínguez HH, Salas-del
Barco NE, Zenteno-Alegría CO,
Jonapá-Montoya RE, Flores-Montoya
KA, Velázquez-Anaya F, Cruz-Pérez
NH y Rincón-Rosales R

183

CNG2013
053

EXPRESIÓN DE LOS GENES DE LA RUTA
DE BIOSÍNTESIS DE OLIGOFRUCTANOS EN
Agave spp. MEDIADA POR ESTÍMULOS
BIÓTICOS Y ABIÓTICOS

Suárez-González EM, López MG,
Délano-Frier JP y Gómez-Leyva JF

146

CNG2013
054

DIVERGENCIA GENÉTICA Y DEMOGRAFÍA
HISTÓRICA DE LA SIERRA DEL GOLFO DE
CALIFORNIA *Scomberomorus concolor*
(LOCKINGTON, 1879) Y DE LA SIERRA
DEL PACIFICO *Scomberomorus sierra*
(JORDAN Y STARKS, 1895)

Domínguez-López M, Uribe-Alcocer
M y Díaz-Jaimes P

184

CNG2013
055

MODELO NEURONAL PARA EL
DIAGNÓSTICO DE NEFROPATÍA
DIABÉTICA BASADO EN INFORMACIÓN
PROTEÓMICA EN ORINA

Celis Porras J y Loera Castañeda V

125

CNG2013
056

EL CARCINOMA HEPATOCELULAR Y SU
ASOCIACIÓN CON EL VIRUS DE LA
HEPATITIS B EN PACIENTES DEL ESTADO
DE VERACRUZ

Macías-Carballo M, García-Román R,
Montero-Ladrón de Guevara H,
Palmeros-Sánchez B, Villa-Treviño S,
Pérez-Carreón JI y Landero-López L

145

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
057

ESTUDIO DE LAS FRECUENCIAS DE
MICRONÚCLEOS EN SANGRE PERIFÉRICA
DE RATÓN CD-1 TRATADOS CON
TRÍOXIDO DE CROMO, SULFATO DE
TALIO Y PENTÓXIDO DE VANADIO *IN*
VIVO

Altamirano-Lozano MA, Montaña-
Rodríguez AR, García-Cárdenas GP,
Peralta-García P y García-Rodríguez
MC

156

CNG2013
058

EFFECTO DE LAS CONDICIONES
AMBIENTALES SOBRE EL POLIMORFISMO
CROMOSÓMICO EN UNA POBLACIÓN
NATURAL DE *Drosophila pseudoobscura*
EN TULANCINGO, HIDALGO

Granados-Flores VN, Ospina-Noreña
JE, Villalobos-Pietrini R, Salceda-
Sacanelles VM, Jiménez-Guzmán J y
Guzmán-Rincón J

185

CNG2013
059

MODULACIÓN DE LA VITAMINA C Y EL
FeSO₄ SOBRE LA ACTIVIDAD
GENOTÓXICA DEL URETANO EN SMART
EN ALA DE *Drosophila melanogaster*
(CRUZAS E Y BE)

Cruz-Atanasio WI, Arellano-Llamas
MR, Dueñas-García IE, Santos-Cruz
LF, Castañeda-Partida L, Durán-Díaz
A y Heres-Pulido ME

126

CNG2013
060

MODULACIÓN DE LA VITAMINA C Y EL
FeSO₄ SOBRE LA ACTIVIDAD
GENOTÓXICA DEL 4-NQO, EN SMART
EN ALA DE *Drosophila melanogaster*
(CRUZAS E Y BE)

Arellano-Llamas R, Dueñas-García IE,
Santos-Cruz LF, Castañeda-Partida L,
Durán-Díaz A y Heres-Pulido ME

186

CNG2013
061

EVALUACIÓN TÓXICA Y GENOTÓXICA
DEL PARASITICIDA GHPMF EN SMART
EN ALA DE *Drosophila melanogaster*
(CRUZA E)

Olvera-Romero Z, Heres-Pulido ME,
Hernández-Luis F, Mendoza-Martínez
C, Dueñas-García IE, Durán-Díaz A y
Santos-Cruz LF

127

CNG2013
062

CARACTERIZACIÓN CITOGÉNÉTICA DE
PLANTAS DE PITAHAYA (*Hylocereus*
ssp.) NATIVAS DEL ESTADO DE COLIMA

Michel-López CY, Mercado-Ruaro P,
Peña-Beltrán E y Michel-Rosales A

101

CNG2013
063

OBTENCIÓN DE EMBRIONES SOMÁTICOS
A PARTIR DEVITRO PLÁNTULAS DE
Agave tequilana WEBERVAR. AZUL
IRRADIADAS CON Co60

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

102

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
064

ALGUNOS COMPONENTES DE VALOR
ADAPTATIVO EN POBLACIONES
NATURALES DE *Drosophila*
pseudoobscura ORIGINARIAS DE
MÉXICO

Salceda VM y Arceo-Maldonado C

97

CNG2013
065

ACTIVIDAD BIOLÓGICA DE LA FLORA
DIETARIA CAPRINA EN *Artemia*
franciscana

Lozada Garcia JA, Pérez Solano JJ,
Carmona-Hernández O y Fernández
MS

164

CNG2013
066

APLICACIÓN DE LA GENÉTICA CLÁSICA
PARA EFICIENTIZAR LA TÉCNICA DEL
INSECTO ESTÉRIL EN LA MOSCA
MEXICANA DE LA FRUTA *Anastrepha*
ludens

Zepeda-Cisneros CS, Meza JS,
García-Martínez V, Ibañez-Palacios J,
De León Crisóstomo AH y Flores-
García HS

209

CNG2013
067

GENOTIPIFICACIÓN DE AISLADOS
CLÍNICOS DE *Helicobacter pylori*
OBTENIDOS DE PACIENTES DEL
HOSPITAL GENERAL DEL ESTADO DE
SONORA

Aguilar-Chaparro MA, Borrego-López
MF, Gracia-Duran SY y Ruiz-Bustos E

128

CNG2013
068

DETERMINACIÓN DEL SNP CT60 Y SU
RELACIÓN CON EL DESARROLLO DE
LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA EN
PACIENTES PEDIÁTRICOS

Jasso-Jasso CA, Soto-Dorado LA,
Torres Orozco R, Martínez-Acuña MI,
Ayala Luján JL, Hernandez Barrales
M, Zapata-Sosa I y Godina-González S

187

CNG2013
070

DAÑO AL ADN EN LINFOCITOS
HUMANOS EXPUESTOS A LOS
COMPUESTOS ORGÁNICOS CONTENIDOS
EN LAS PARTÍCULAS DEL AIRE DE UNA
ZONA INDUSTRIAL

Flores-Márquez AR, Pérez-Guzmán
VA, Amador-Muñoz O, Gómez-
Arroyo S, Cortés-Eslava J y
Villalobos-Pietrini R

188

CNG2013
071

CUANTIFICACIÓN DE LA BIOMASA DE
Mycosphaerella fijiensis
(ASCOMYCETAE) EN RESIDUOS DE HOJAS
DE PLÁTANO TRATADAS CON UREA

Guzmán-González S, Manzo-Sánchez
G, Ríos-Velasco R, Valadez-Ramírez
P, Buenrostro-Nava MT, Orozco-
Santos M y Canto-Canche BB

129

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
072

POLIMORFISMOS DEL GEN TNF Y
SUSCEPTIBILIDAD DE DESARROLLAR
LINFOMA DE HODGKIN EN PACIENTES
MEXICANOS

Torres-Espíndola LM, Velázquez-Cruz
R, Falfán-Valencia R, Salcedo-Vargas
M, Nambo-Lucio MJ, Salinas-Lara C,
Chavez-Pacheco JL, Granados-Montiel
J, Granados Arriola J, Solorio-Lopez E
y Castillejos-López MJ

189

CNG2013
073

EFFECTO DEL CONSUMO DE TABACO EN
LA ASOCIACIÓN ENTRE POLIMORFISMOS
EN EL GEN TLR Y TLR Y
SUSCEPTIBILIDAD A TUBERCULOSIS
PULMONAR

Martínez Reculez LS, Torres-
Espíndola LM, Velázquez-Cruz R,
Hernández-A, Tena-Suck ML,
Granados-Montiel J, Granados-Arriola
J, Salazar-Lezama MA, Salinas-Lara
C, Juárez-Millán MA, Pérez-Padilla R
y Castillejos-López MJ

130

CNG2013
074

PARTICIPACIÓN DE LOS LPS DE
Rhizobium etli CFN42 EN EL PROCESO
DE INFECCIÓN DE LOS BACTERIOFAGOS
1, 10 Y 11

Brito Suastegui A, Rodríguez Sánchez
C, Santamaría RI, Bustos Arcos P y
González Zúñiga VM

96

CNG2013
075

ESTIMACIÓN DEL DAÑO AL ADN EN
CÉLULAS TESTICULARES DEL RATÓN
CD-1, TRATADO CON ACETATO DE TALIO

Hernández-De la Cruz H, Rodríguez-
Mercado JJ y Altamirano-Lozano MA

131

CNG2013
076

TRANSFORMACIÓN GENÉTICA DE DOS
ESPECIES DE CÍTRICOS CON EL GEN
Attacina A PARA RESISTENCIA A
'*Candidatus LIBERIBACTER spp.*'

Buenrostro-Nava M, Gómez-Díaz C,
Mendoza-Espinoza A, Meléndez-
Naranjo G, Manzo-Sánchez G y
Guzmán-González S

212

CNG2013
077

ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO
INSERCIÓN/DELECIÓN DE LA ENZIMA
CONVERTIDORA DE ANGIOTENSINA EN
PACIENTES CON ESPONDILITIS
ANQUILOSANTE

Garza Cruz MA, Morán Moguel MC,
Salazar Páramo M, Topete Reyes JF,
Rodríguez Machuca EY, Enríquez
Barajas CM, Avelar Ocampo FA,
Carlos Buenrostro D, Cerda Salas CR y
Valdovinos Maravilla JP

132

CNG2013
078

EFFECTO DE LOS ALELOS DELTA 32
(CCR5) Y 801A (SDF-1) EN LA
INFECCIÓN POR VIH/SIDA

Velarde-Félix JS, Sánchez-Zazueta JG,
Olimón-Andalón V, Ochoa Ramírez
LA Cázarez-Salazar SG, Osuna
Ramírez I y Díaz- Camacho SP

190

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
079

ANÁLISIS DE ASOCIACIÓN DEL
POLIMORFISMO +148 C>T DEL GEN
AXIN2 Y +294 T>C DEL GEN PPARD
EN PACIENTES MEXICANOS CON CÁNCER
COLORRECTAL

Rosales Reynoso MA, Juárez Vázquez
CI, Flores Martínez S y Sánchez
Corona J

95

CNG2013
080

DAÑOS GENÉTICOS Y ENDÓCRINOS EN
OSTIONES (*Crassostrea corteziensis*)
CAUSADOS POR HIDROCARBUROS
AROMÁTICOS POLICÍCLICOS Y SUS
RIESGOS A LA SALUD

Galindo Reyes JG

90

CNG2013
081

ANTIGENOTOXICIDAD DE LA CÚRCUMA
FRENTE AL INSECTICIDA AZINFOS
METÍLICO EN *Vicia faba*

Gómez-Arroyo S, Cortés-Eslava J,
Puente Revelo AC, Carlos Palestina A
y Villalobos-Pietrini R

133

CNG2013
082

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE
GERMOPLASMA DE AGUACATE (*Persea
americana* Mill.) CRIOLLO DE
MICHUACÁN

Guillén-Andrade H, Lara-Chávez
MBN, Torres-Gurrola G, Escalera-
Ordaz AK y Tapia-Vargas LM

214

CNG2013
083

ASOCIACIÓN DE POLIMORFISMOS EN LOS
GENES *TCF7L2* Y *CCND1* EN PACIENTES
MEXICANOS CON CÁNCER COLORRECTAL

Arredondo Valdez AR, Juárez Vázquez
CI, Flores Martínez S, Sánchez Corona
J y Rosales Reynoso MA

134

CNG2013
084

TRANSFECCIÓN DE UNA SECUENCIA
CODIFICANTE DE LA ENZIMA
DIACILGLICEROL ACILTRANSFERASA
COMO MEDIO PARA INCREMENTAR LA
ACUMULACIÓN DE TRIGLICERIDOS EN
Dunaliella salina

Guzman Oroztico JI y Stephano
Hornedo JL

191

CNG2013
085

EFFECTO DEL INSECTICIDA GUSATIÓN EN
Salmonella typhimurium CEPAS TA98 Y
TA100 TRANSFORMADO POR EL
METABOLISMO VEGETAL Y ANIMAL

Cortés-Eslava J, Gómez-Arroyo S,
Teloxa Meneses HS, Gómez Ramírez
BM y Villalobos-Pietrini R

143

CNG2013
086

EL USO DEL CONCEPTO DE ÉSTASIS EN
CITOGENÉTICA COMPARADA

Márquez C.

83

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
087

LA EVOLUCIÓN DE LAS ISLAS CpG EN
LOS GENES *DDC* Y *AMD* ORIGINADOS
POR DUPLICACIÓN EN ESPECIES DE
Drosophila

Márquez C y Ayala FJ

204

CNG2013
088

TRANSCRITOS CODIFICANTES PARA
PROTEÍNAS TRANSPORTADORAS DE
METALES EN *Solanum elaeagnifolium*

Jiménez-Vega F, Herrera-Gutiérrez JR
y Vargas-Requena CL

155

CNG2013
089

POLIMORFISMO DEL GEN DE
INTERLEUCINA 1B (IL-1 β) Y SU
ASOCIACIÓN CON PERIODONTITIS

Borjas-Galaviz ME, Crespo-Campos
A, Lerma K, Rivero-Peña A, De la
Mora Covarrubias A y Jiménez-Vega F

213

CNG2013
090

EFFECTO DEL CONSUMO DE SARDINA
SOBRE LA EXPRESIÓN DE LOS GENES
SCD-1 Y CYP7A-1, IMPLICADOS EN EL
METABOLISMO DE LÍPIDOS

López-Álvarez F, Jiménez-Vega F y
López Díaz JA

192

CNG2013
091

VARIACIÓN Y DISTRIBUCIÓN
GEOGRÁFICA DE FENOTIPOS QUÍMICOS
FOLIARES DE *Persea americana* MILL
VAR *Dryminifolia*

Escalera-Ordaz AK, Ramírez-Arnaud
MB, Bucio Sánchez LL, Lara-Chávez
MBN, Torres-Gurrola G y Guillén-
Andrade H

135

CNG2013
092

FRECUENCIA DEL POLIMORFISMO
G2677A DEL GEN MDR-1 ASOCIADO A
LEUCEMIA Y EN UN GRUPO CONTROL

Quezada Cruz I, Domínguez
Arrevillaga S, Martínez Rodríguez H,
Lugo Trampe Á, Canseco Ávila L,
Espinoza Ruiz M, Trujillo Murillo K,
Sánchez González R y Serrano
Guzmán E

193

CNG2013
093

PARALOGÍA EN OXIDASAS
DEPENDIENTES DE COBRE EN BACTERIAS

Brena-Becerril A, Vizcaíno Rodriguez
LA, Vinuesa FP y Valderrama Blanco
MB

85

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
094

CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA Y
FENOTÍPICA DE TRIGOS DENTRO DE LA
INICIATIVA MASAGRO-BIODIVERSIDAD
(SEED)

Saint-Pierre C, Bonnett D, Burgueño J,
Cortez-Gamboa S, Espinosa-Paz N,
Estrada-Campuzano G, Figueroa-
López P, Fuentes-Dávila G,
Hernández-Muela VM, Ireta-Moreno J,
Martínez-Rueda CG, Ortiz-Monasterio
I, Osorio-Alcalá L, Payne T, Peña-
Bautista RJ, Reynolds M, Salinas-
García GE, Sawers R, Singh P, Singh
S, Soca G, Solís-Moya E, Vikram P,
Villaseñor-Mir HE, Zamora-Villa V y
Wenzl P

144

CNG2013
095

MASAGRO-BIODIVERSIDAD (SEED):
AMPLIANDO EL USO DE RECURSOS
GENÉTICOS EN EL MEJORAMIENTO DE
MAÍZ Y TRIGO

Saint-Pierre C, Bonnett D, Burgueño J,
Castillo González F, Cibrián- Jaramillo
A, Cortes-Cruz M, Cortez-Gamboa S,
Christen-Gracia JA, Espinoza-Banda
A, Espinosa-Paz N, Estrada-
Campuzano G, Figueroa-López P,
Fuentes-Dávila G, Gómez-Montiel
NO, Gonzalez-Ceniceros F, Guerrero
Herrera MJ, Hearne S, Hernández
Casillas JM, Hernández-Muela VM,
Herrera Estrella L, Ireta-Moreno J,
Larios L, Mahuku G, Manjarrez-Juárez
FJ, Martínez CA, Martínez-Rueda CG,
Ortega y Corona A, Ortiz-Monasterio
I, Osorio-Alcalá L, Palacios N, Payne
T, Peña-Bautista RJ, Preciado-Ortiz
RE, Ramírez-Díaz JL, Reynolds M,
Rivas-Dávila ME, Ron Parra J, Ruíz
Corral JA, Salinas-García GE, Sánchez
González J, Sawers R, Serna-Saldivar
SO; Shrestha R, Singh P, Singh S,
Solís-Moya E, Torres-Montalvo H,
Trachsel S, Vallejo Delgado HL,
Velázquez-Cardelas GA, Vidal-
Martínez VA, Vikram P, Villaseñor-
Mir HE, Willcox M, Zamora-Villa V y
Wenzl P

136

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
096

DESARROLLO Y CARACTERIZACIÓN DE ORGANISMOS GENÉTICAMENTE MODIFICADOS: TRIGO TOLERANTE A LA SEQUÍA

Saint-Pierre C, Pacheco M, Yamaguchi-Shinozaki K, Bonnett D y Reynolds M

205

CNG2013
097

DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE ENFERMEDADES EN CAÑA DE AZÚCAR

Bermúdez-Guzmán MJ, Barbosa-Villa MI, Orozco-Santos M, Reyes-Castillo A y Guzmán-González S

201

CNG2013
098

DISEÑO DE FRUCTANOS *IN VITRO* A PARTIR DE PROTEÍNAS NATIVAS Y RECOMBINANTES CON ACTIVIDAD FRUCTOSILTRANSFERASA

Vizcaino Rodríguez LA., Mancilla Margali NA, Brena Becerril A y Arias Castro C

211

CNG2013
099

TIPIFICACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS *ApaI* Y *TaqI* DEL GEN VDR (RECEPTOR DE VITAMINA D) EN PACIENTES CON DIABETES MELLITUS TIPO 2 Y CONTROLES SANOS DEL ESTADO DE JALISCO

Solano-Trujillo AG, Rivera-León EA, Fernández MS, Sánchez-Enríquez S, Palmeros-Sánchez B

138

CNG2013
100

ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE TRES ESPECIES DE USO MEDICINAL SOBRE AISLADOS DE IMPORTANCIA CLÍNICA

Chena-Becerra F, Lozada-García JA y Palmeros-Sánchez B

194

CNG2013
102

FRECUENCIA DE LOS ALELOS QUE CONFIEREN RESISTENCIA A AZOXISTROBIN Y BENOMIL EN AISLADOS DE *Mycosphaerella fijiensis*

Manzo-Sánchez G, Guzmán-González S, Buenrostro-Nava MT, Orozco-Santos M, Martínez-Bolaños L, Islas-Flores I y Canto-Canche B

195

CNG2013
104

ACTIVIDAD BIOLÓGICA DE EXTRACTOS ETANÓLICOS DE *Rubus sp.* EN *Artemia franciscana* KELLOGG 0

Cruz-Martínez B, Fernández MS, Lozada García JA y Palmeros Sánchez B

196

CNG2013
106

ESTUDIO DEL COMPLEJO JETHYS (LEPIDÓPTERA: PAPILIONOIDEA; *Enantia*) EN MÉXICO A TRAVÉS DEL CÓDIGO DE BARRAS

Jasso Martínez JM, Castañeda Sortibrán AN, Pozo de la Tijera MC, García Sandoval R y Rodríguez Arnaiz R

197

CLAVE

TITULO

AUTORES

CNG2013
000

CNG2013
107

EVALUACIÓN GENOTÓXICA DE NIÑOS
HABITANTES DE ZONAS AGRÍCOLAS DEL
NORTE DE SINALOA, A TRAVÉS DE LA
CUANTIFICACIÓN DEL ADUCTO 8-
HIDROXI-2'-DESOXIGUANOSINA (8-OH-
DG) MEDIANTE ELISA

Martínez-Valenzuela C, Vázquez
Ramírez R, Gómez-Arroyo S,
Villalobos-Pietrini R, Waliszewski S,
Kumate Rodríguez J, Calderón-Segura
ME, Félix-Gastélum R, Romero-Uriás
C, Ortega-Martínez D y Lagarda-
Escarrega A

139

CNG2013
108

SECUENCIA COMPLETA DE FLAGELINA
COMO UN MARCADOR MOLECULAR
INTER-ESPECÍFICO EN BACTERIAS

Martínez-Peña MD, Borrayo E,
Morales-Valencia JA y Arteaga-
Garibay R

198

CNG2013
CM001

TEST DE MICRONÚCLEOS COMO
BIOMARCADOR DE SALUD Y SU
IMPLICACIÓN EN EL CÁNCER

García Sagredo JM

67

CNG2013
CM002

USO Y APLICACIÓN DE LA
SECUENCIACIÓN MASIVA PARA EL
ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD
MICROBIANA ASOCIADA A RIZÓSFERA DE
MAÍZ MEXICANO

Arteaga Garibay RI

71

CNG2013
CM003

IDENTIFICACIÓN FILOGENÉTICA DE
NUEVAS BACTERIAS FITOPATÓGENAS EN
MAÍZ

Silva Rojas HV, Peralta-Nava JA y
Uribe-Cortés TB

75

MEMORIAS

CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2013

A 100 años de la creación del Primer Mapa Genético de un Cromosoma
A 10 años de la culminación del Proyecto Genoma Humano

SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA

Editores

**JUANA SÁNCHEZ-ALARCÓN
RAFAEL VALENCIA-QUINTANA
SANDRA GÓMEZ-ARROYO
RAFAEL VILLALOBOS-PIETRINI
CLAUDIO AMESCUA-GARCÍA**