

CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA

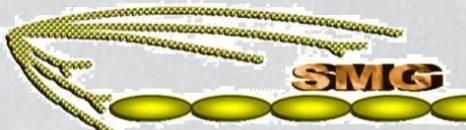
150 AÑOS DE LA PUBLICACIÓN DE LOS EXPERIMENTOS DE MENDEL
50 AÑOS DE LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA

50
AÑOS

Promoviendo la
Investigación y
Divulgación en
Genética

2016

MEMORIAS



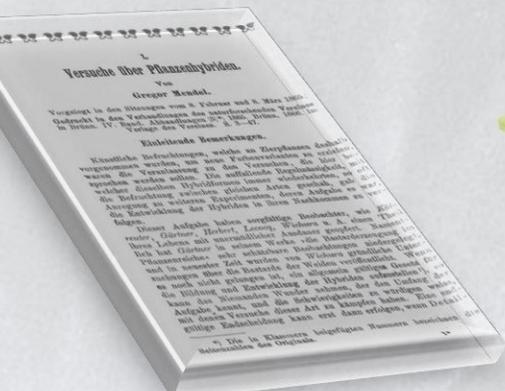
SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA A.C.



UACJ

Ciudad Juárez, Chihuahua, M

19 a 22 de septiembre,



DOI: 10.20937/RICA.2016.32.MSMG

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE CIUDAD JUÁREZ



Lic. Ricardo Duarte Jáquez
Rector

Lic. Alejandra Stephanie Rejón Trujillo
Secretaria privada

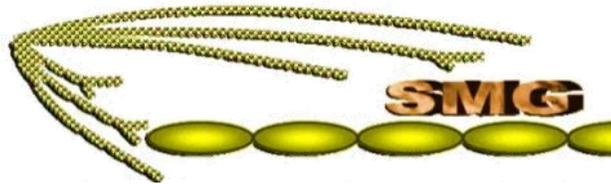
M. en C. David Ramírez Perea
Secretaria general

C. D. Daniel Constandse Cortez
Director de instituto

D. Ph. Antonio de la Mora Covarrubias
Jefe del Departamento de Ciencias Químico Biológicas

SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA

Mesa Directiva 2015-2017



M. en C. Guillermo Bojórquez Rangel
Presidente

Dra. Edith Cortés Barberena
Vicepresidenta

M. en C. Irma Elena Dueñas García
Secretaria

Dr. Edgar Hernández Zamora
Tesorero

Dr. Carlos Márquez Becerra
Vocal

M. en C. Luis Antonio Nava Vargas
Vocal

M. en C. Luis Felipe Santos Cruz
Vocal

SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA

Comité Organizador 2015-2017

M. en C. Guillermo Bojórquez Rangel

Dra. Edith Cortés Barberena

M. en C. Irma Elena Dueñas García

Dr. Edgar Hernández Zamora

Dr. Carlos Márquez Becerra

M. en C. Luis Felipe Santos Cruz

Dr. Pedro Rafael Valencia Quintana

M. en C.A. Juana Sánchez Alarcón

Cuerpo Académico Ambiente y Genética
UATLX-CA223

Comité Organizador Interno

Dra. Florinda Jiménez Vega

Dr. José Alberto López Díaz

Dr. Jonatan Torres Pérez

Comité Auxiliar

Dra. Ana Gatica Colima

Dra. Miroslava Quiñonez Martínez

Dra. Gwendolyn Peraza Mercado

Dr. Pablo Lavín Murcio

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

Congreso Nacional de Genética

Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM
Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo (CIAD)
Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C.
Centro Nacional de Investigaciones Disciplinarias en Parasitología Veterinaria del INIFAP
Clínica de Colposcopia, Jurisdicción Sanitaria II, Servicios de Salud de Chihuahua, Ciudad Juárez.
Cuerpo Académico Ambiente y Genética UATLX
Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares
Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana
División de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa
Escuela Nacional de Ciencias Biológicas del IPN
Facultad de Ciencias, UABC
Facultad de Ciencias, UNAM
Facultad de Ciencias Agrotecnológicas, UACH
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Instituto de Biología,
Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM
Facultad de Estudios Superiores-Zaragoza, UNAM
Facultad de Medicina y Ciencias Biomédicas, UACH
Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, UNAM
Instituto de Enfermedades de la mama, FUCAM
Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícola y Pecuarias
Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares
Red Temática de Toxicología de Plaguicidas UAN
Sistema de Aguas de la Ciudad de México
Servicio de Bioquímica, INRLGII
Servicio de Biomecánica-INRLGII

Servicio de Tomografía Computada-INRLGII
Universidad Autónoma de Ciudad Juárez
Universidad Autónoma de la Ciudad de México
Universidad Autónoma de Nayarit
Universidad Autónoma de Querétaro
Universidad Autónoma de Tlaxcala
Hospital Juárez de México
Unidad de Biotecnología y Prototipos, FES Iztacala, UNAM
Unidad de Morfología y Función, FES Iztacala, UNAM



SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA A.C.

SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA A.C.
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE CIUDAD JUÁREZ
CENTRO CULTURAL UNIVERSITARIO
PROGRAMA GENERAL DEL CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2016



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA
 DE CIUDAD JUÁREZ

SABADO	DOMINGO	LUNES 19	MARTES 20	MIERCOLES 21	JUEVES 22	
CURSO TALLER SMART Somatic Mutation and Recombination Test M. en C. Luis Felipe Santos Dr. Elías Piedra Barra M. en C. Santiago Sigra Flores	VISTA A LAS DUNAS DE SAMALAYUCA	7:30-8:00a. m.	REGISTRO	REGISTRO	REGISTRO	
		8:00-8:20a. m.	REGISTRO	SESIONES ORALES	SESIONES ORALES	CONFERENCIA MAGISTRAL 6 Dra. Cecilia N. Sánchez Domínguez Facultad de Medicina UANL
		8:20-8:40a. m.	REGISTRO	SESIONES ORALES	SESIONES ORALES	CONFERENCIA MAGISTRAL 5 Dr. Carlos Márquez Becerra Facultad de Ciencias UABC
		8:40-9:00a. m.	INAUGURACIÓN	SESIONES ORALES	SESIONES ORALES	CONFERENCIA MAGISTRAL 4 Dra. Ma Angélica Escárcega Ávila Depto Pecuario UACJ
		9:00-9:20a. m.	INAUGURACIÓN	SESIONES ORALES	SESIONES ORALES	CONFERENCIA MAGISTRAL 3 Dr. P. Rafael Valencia Quintana Universidad Autónoma de Tlaxcala
		9:20-9:40a. m.	INAUGURACIÓN	SESIONES ORALES	SESIONES ORALES	CONFERENCIA MAGISTRAL 2 Dra. Therese Ann Markow UCSD-LANGEBIO
		9:40-10:00a. m.	INAUGURACIÓN	SESIONES ORALES	SESIONES ORALES	CONFERENCIA MAGISTRAL 1 Dra. Therese Ann Markow UCSD-LANGEBIO
		10:00-10:20a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 7 C. Dr. Laura Castañeda Partida FES-IZTACALA-UNAM
		10:20-10:40a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 6 Dra. Cecilia N. Sánchez Domínguez Facultad de Medicina UANL
		10:40-11:00a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 5 Dr. Carlos Márquez Becerra Facultad de Ciencias UABC
		11:00-11:20a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 4 Dra. Ma Angélica Escárcega Ávila Depto Pecuario UACJ
		11:20-11:40a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 3 Dr. P. Rafael Valencia Quintana Universidad Autónoma de Tlaxcala
		11:40-12:00a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 2 Dra. Therese Ann Markow UCSD-LANGEBIO
		12:00-12:20a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 1 Dra. Therese Ann Markow UCSD-LANGEBIO
12:20-12:40a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 7 C. Dr. Laura Castañeda Partida FES-IZTACALA-UNAM		
12:40-13:00a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 6 Dra. Cecilia N. Sánchez Domínguez Facultad de Medicina UANL		
13:00-13:20a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 5 Dr. Carlos Márquez Becerra Facultad de Ciencias UABC		
13:20-13:40a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 4 Dra. Ma Angélica Escárcega Ávila Depto Pecuario UACJ		
13:40-14:00a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 3 Dr. P. Rafael Valencia Quintana Universidad Autónoma de Tlaxcala		
14:00-15:00a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 2 Dra. Therese Ann Markow UCSD-LANGEBIO		
15:00-16:30a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 1 Dra. Therese Ann Markow UCSD-LANGEBIO		
16:30-17:00a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 7 C. Dr. Laura Castañeda Partida FES-IZTACALA-UNAM		
17:00-18:30a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 6 Dra. Cecilia N. Sánchez Domínguez Facultad de Medicina UANL		
18:30-19:00	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 5 Dr. Carlos Márquez Becerra Facultad de Ciencias UABC		
19:00-19:30a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 4 Dra. Ma Angélica Escárcega Ávila Depto Pecuario UACJ		
19:30-20:00a. m.	INAUGURACIÓN	RECESO	RECESO	CONFERENCIA MAGISTRAL 3 Dr. P. Rafael Valencia Quintana Universidad Autónoma de Tlaxcala		

- CM1 Genetics of adaptation and speciation in cactophilic *Drosophila*
- CM2 Genética, biomarcadores y diagnóstico clínico.
- CM3 Los sistemas vegetales en el monitoreo de genotoxicidad de deplaguicidas y otros contaminantes.
- CM4 Diagnóstico molecular de enfermedades transmitidas por garrapatas
- CM5 Vigencia y retos de los postulados mendelianos en el siglo XXI
- CM6 Genética y genómica de poblaciones y salud humana
- CM7 Oncología molecular de la leucemia mieloblástica aguda en pacientes pediátricos mexicanos.

Programa

 SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA A.C.	CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2016 PROGRAMA GENERAL	 UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE CIUDAD JUÁREZ
Sábado 17 de septiembre		
08:00-18:00 Curso-Taller SMART Somatic Mutation and Recombination Test M. en C. Luis Felipe Santos; Dr. Elías Piedra Ibarra; M. en C. Santiago Sigrist Flores		
Lunes 19 de septiembre		
8:00-9:00 Registro		
9:00-10:00 Inauguración		
10:00-11:00 CONFERENCIA MAGISTRAL 1 Dra. Therese Ann Markow Universidad de California en San Diego Genetics of adaptation and speciation in cactophilic <i>Drosophila</i>		
SESIONES ORALES Moderador: Dr. Guillermo Bojórquez		
11:00-12:00 RECESO		
12:00-13:00 SIMPOSIO 1 150 AÑOS DE LA PUBLICACIÓN DE LOS TRABAJOS DE MENDEL		
13:00-14:00 CONFERENCIA MAGISTRAL 2 Dr. Edgar Hernández Genética, biomarcadores y diagnóstico clínico.		
14:00-16:30 COMIDA		
16:30-18:30		

SESIÓN DE CARTELES 1
18:30-21:00 Brindis de Bienvenida
Martes 20 de septiembre
08:00-10:00 SESIONES ORALES 2 Moderadora: M. en C. Laura Castañeda Partida
9:00-10:00 CONFERENCIA MAGISTRAL 3 Dr. Pedro Rafael Valencia Quintana Los sistemas vegetales en el monitoreo de la genotoxicidad de plaguicidas y otros contaminantes ambientales.
10:00-10:20 RECESO
10:20-14:40 SESIÓN ORAL 3 Moderadora: M. en C. Laura Castañeda Partida
11:40-12:00 RECESO
12:00-13:00 Simposio 2 50 años de la Sociedad Mexicana de Genética
13:00-14:00 CONFERENCIA MAGISTRAL 4 Dra. Ma. Angélica Escárcega Ávila Diagnóstico molecular de enfermedades transmitidas por garrapatas
14:00-17:00 COMIDA
17:00-19:00 SESIÓN DE CARTELES 2
Miércoles 21 de septiembre
9:00-10:00 SESIÓN ORAL 3 Moderadora: Dra. Rosario Rodríguez Arnaiz
10:00-10:20 RECESO
SESIÓN ORAL 4 Moderador: Dr. Pedro Rafael Valencia
11:00-12:00 CONFERENCIA MAGISTRAL 6 Dr. Carlos Márquez Becerra Vigencia y retos de los postulados de Mendel

12:00-12:20

RECESO

12:20-13:20

MEDALLA ALFONSO LEÓN DE GARAY

13:20-14:00

FOTOGRAFÍA

14:00-17:00

COMIDA

17:00-19:30

SESIÓN DE NEGOCIOS DE LA SMG

20:00-01:00

CENA-BAILE

Jueves 22 de septiembre

9:00-10:00

CONFERENCIA MAGISTRAL 7

Dra. Cecilia N. Sánchez Domínguez

Genética y genómica de poblaciones y salud humana

10:00-10:20

Receso

SESIÓN ORAL 5

Moderadora: M. en C. Juana Sánchez Alarcón

11:20-12:20

CONFERENCIA MAGISTRAL 8

C. Dr. Laura Castañeda Partida

Oncología molecular de la leucemia linfoblástica aguda en pacientes pediátricos mexicanos.

12:20-13:20

PREMIACIÓN

13:20-14:00

CLAUSURA

Presentaciones

AMARRE DE FRUTO Y SU RELACIÓN CON LA COMPATIBILIDAD CULTIVAR X POLINIZADOR EN MANZANO (*Malus domestica* Borckh)

Rivera-Figueroa C H¹, Borja-Rodríguez L² y García-Bañuelos M L³

¹Maestro de la Facultad de Ciencias Agrotecnológicas, UACH. Responsable del proyecto de investigación, Campus Universitario I, Ciudad Universitaria s/n, Chihuahua, Chih. C.P.31170, Teléfono (614) 439-1822; ²Egresado de la Maestría en Ciencias de la Productividad Frutícola, Facultad de Ciencias Agrotecnológicas, Campus Cuauhtémoc, UACH; ³ Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo (CIAD), Unidad Delicias, Chihuahua.

crivera@uach.mx

Ningún cultivar de manzano es suficientemente autofértil y los productores requieren el uso de polinizadores compatibles, cuyo periodo de floración sea similar al de la variedad, para que la fertilización ocurra. A mayor número de óvulos fecundados el porcentaje de amarre de fruto es mayor. Seis a siete semillas son deseables para el desarrollo de frutos de calidad. El propósito del estudio fue comparar el amarre de fruto y el número de semilla por fruto, como respuesta a tres tipos de cruzamientos (autopolinización, polinización manual y polinización abierta). El estudio se realizó en tres huertos de la Región Manzanera de Chihuahua; huerta "La Miel", localizada en la Junta, Chihuahua, donde se eligió una plantación con los cultivares (Factor a) "Golden Delicious" (GD) y "Golden Spur" (GS), las cuales se cruzaron artificialmente con los polinizadores (Factor b): "Winter Banana" (WB), "Red Delicious" (RD), "Golden Delicious" (GD) y "Golden Spur" (GS). Huerta "Casa Blanca", ubicada en Santo Tomás, municipio de Guerrero, Chihuahua, el lote de cruza se estableció sobre el cultivar "Rome Beauty" (RB) y como polinizadores se utilizaron: WB, RD, GD, GS y RB. Finalmente, se eligió una plantación con los cultivares "Red Delicious" y "Golden Delicious", que se encuentran en la proporción 1:1. Las cruza GDxWB, GDxRD, GSxWB y GSxRD mostraron, respectivamente, 54, 88, 62 y 88 % de amarre; mientras que, las autopolinizaciones (GD y GS) y cruza GDxGS mostraron 0 % de amarre 50 días después de la polinización artificial. Las cruza RBxWB, RBxRD, RBxRB, RBxGD y RBxGS produjeron, respectivamente, 100, 92, 85, 86 y 64% de amarre. El número promedio de semillas por fruto en las cruza: GDxWB, GDxRD, GSxWB y GSxRD, fueron, respectivamente, 5.1, 8, 5.3 y 7.2. El número promedio de semillas por fruto en el lote de polinización abierta, fueron: 4.7 y 5.7, respectivamente, para las cruza GDxRD y RDxGD. En las autopolinizaciones de GD y GS, así como las cruza entre ellas, el número de semillas por fruto varió de 0 a 2.2. El porcentaje de amarre y semillas por fruto es mayor cuanto más divergentes son los genotipos de la cruza.

EFFECTO GENOTÓXICO DE MUESTRAS DE AGUA RESIDUAL Y AGUA RESIDUAL TRATADA SOBRE LINFOCITOS HUMANOS A DIFERENTES CONCENTRACIONES Y DIFERENTES TIEMPOS DE EXPOSICIÓN

Nava-Vargas L A, Cano-Martínez S y Corona Hernández L

Área de Mutágenos. Laboratorio Central de Control de Calidad del Agua. Sistema de Aguas de la Ciudad de México. Av. División del Norte 330 Col. Cd. Jardín, Coyoacán 04370 México, D.F.

luisagua61@gmail.com

Los sistemas de tratamiento de agua residual incluyen procesos de sedimentación, digestión aeróbica, filtración y desinfección con cloro. El proceso final parece promover la formación de subproductos que se han relacionado con actividad genotóxica. En este trabajo se evaluó el efecto genotóxico de muestras de agua residual y agua residual tratada en linfocitos humanos mediante el ensayo cometa (Single Cell Gel Electrophoresis), intentando determinar si diferentes tiempos de exposición de los linfocitos a las muestras y diferentes concentraciones de éstas producen resultados significativamente diferentes. Las muestras se colectaron y concentraron utilizando dispositivos especiales para muestreo en campo los cuales funcionan con resinas poliméricas para un proceso de adsorción de los compuestos orgánicos, que son posteriormente eluidos mediante una mezcla de solventes (Hexano/acetona 85/15 V.V), evaporados y finalmente resuspendidos en dimetil sulfóxido (DMSO). Todas las muestras presentaron actividad genotóxica. Para el agua residual, las concentraciones más bajas presentaron mayor actividad genotóxica, mientras que para el agua tratada se presentó un aumento del efecto genotóxico directamente proporcional a la concentración. En cuanto a los tiempos de exposición las muestras de agua residual produjeron mayor daño genotóxico al mayor tiempo de exposición, aunque en el tiempo de 2 a 4 horas el efecto parecía disminuir, mientras que, para el agua tratada, los tiempos de exposición más prolongados presentaron menor actividad genotóxica asociándose este hecho a los procesos de reparación del DNA.

MODELO MURINO PARA LA INDUCCIÓN QUÍMICA DE OSTEOSARCOMA

Paniagua Pérez R¹, Madrigal Bujaidar E², Álvarez González I², Franco Bourland R¹, Herrera López B¹, Cervantes Hernández I¹, Velasco Mora O¹, Flores Mondragón G¹, Hernández Campos N¹, Martínez Coria E, Araujo Monsalvo V³ y Domínguez Hernández V³

¹Servicio de Bioquímica, INRLGII, ²Laboratorio de Genética-ENCB-IPN ³Servicio de Biomecánica-INRLGII, Servicio de Tomografía Computada-INRLGIIINRLGII: Av. México-Xochimilco 289, Col. Arenal de Guadalupe, Tlalpan. C.P.14389ENCB: Av. Wilfrido Massieu Esq. Cda. Miguel Stampa s/n, C.P.07738, Gustavo A. Madero Ciudad de México.

agelpp@yahoo.com

El osteosarcoma (OS) es un tumor primario, constituye 20% de sarcomas, más del 75% es en pacientes menores de 25 años, afecta principalmente los huesos de extremidades inferiores. No existe método eficaz para prevenir este tipo de cáncer y puede inducir a la amputación. Los modelos murinos identifican la base molecular y fisiopatológica de enfermedades y permiten el desarrollo de nuevas terapias para su tratamiento. El benzopireno (BZP) es un hidrocarburo policíclico aromático, su alto contenido en algunos alimentos se debe a procesos de combustión con altas temperaturas (350° C), se ha reportado como un potente inductor de cáncer. Por lo que el objetivo de este trabajo es estandarizar un modelo de carcinogénesis ósea para la inducción química de osteosarcoma en rata, mediante la inducción de lesiones preneoplásicas en ratas macho de la cepa Sprague Dawley con un peso promedio de 250 g, administrando perifemoralmente por 30 días, 25 mg/Kg de BZP. Se registró el peso de las ratas diariamente y semanalmente se tomaron muestras sanguíneas, para realizar un frotis sanguíneo para estudios de genotoxicidad, y para determinar velocidad de sedimentación globular (VSG), proteína C reactiva (PC), fosfatasa alcalina (FA) y deshidrogenasa láctica (DHL). Al cumplir la novena semana, fueron sacrificados todos los animales, se extrajeron fémures, tibias, peroné, hígado y pulmones para su estudio histopatológico. Al comparar con resultados iniciales del tratamiento, se observó una disminución del peso (28%). La frecuencia de MN se incrementó significativamente (33.73 ± 0.53). La frecuencia de eritrocitos policromáticos en la relación EPC/ENC disminuyó significativamente (2.17 ± 0.31). Hubo un incremento de la VSG, FA y DHL (114%, 74%, 67%). El estudio histológico demostró la presencia de atipia celular y osteoide en todas las ratas tratadas y la formación de tumoraciones en el fémur administrado con BZP. Los pulmones y el hígado no presentaron cambios histopatológicos por lo que se concluye que el BZP puede inducir osteosarcoma y es altamente genotóxico y citotóxico, su utilización puede servir como modelo experimental en la inducción química de OS en rata Sprague Dawley y ser útil en la investigación básica experimental que involucre a este padecimiento como patología de base.

EFFECTO MODULADOR DEL RESVERATROL SOBRE LA GENOTOXICIDAD DE LA NICOTINA EN SMART EN ALA DE *Drosophila melanogaster*, CE.

Gómez-Loza B, Durán-Díaz Á, Santos-Cruz L F, Dueñas-García I E y Heres-Pulido M E

Laboratorio de Genética Toxicológica, UNAM-FES Iztacala. Av. De los Barrios No. 1 Tlalnepantla de Baz, Estado de México.

iduenasg@gmail.com

Algunos efectos adversos del consumo de la nicotina (NIC) son el aumento de radicales libres y el incremento en la incidencia de cáncer de páncreas. Por otra parte, el resveratrol (RES) es un antioxidante terapéutico y quimio-preventivo, que modula algunas rutas celulares asociadas con el daño provocado por radicales libres. El objetivo de este trabajo fue evaluar *in vivo* el efecto del RES ante NIC, con SMART en ala de *Drosophila melanogaster*. Hembras vírgenes *flr³/TM3, Bd^S* se cruzaron con machos *mwh/mwh* para obtener la craza estándar (CE). Por triplicado y en tres experimentos independientes larvas de 72±4h fueron alimentadas crónicamente con RES 0.418 y 11µM disuelto en etanol 1%; NIC 12.5, 50, 100 y 300µM disuelta en agua; co-tratamientos RES/NIC y testigos: agua miliQ y etanol 1% (disolventes), DMN 74µM (positivo). Se revisaron las alas de 704 individuos trans-heterocigotos, y los resultados se analizaron con el programa estadístico SMART PC vs 2.1 y la prueba U de Mann-Whitney. Los resultados indicaron que la NIC fue genotóxica únicamente a la concentración 300µM. Mientras que RES 0.418µM en co-tratamientos con NIC 12.5 y 50 µM aumentó la frecuencia de clones mutantes. Por otra parte, RES 11µM protegió del daño tóxico producido por NIC 12.5, 50, 100 y 300µM y de la genotoxicidad causada por NIC 300µM, sin embargo, incrementó la frecuencia de manchas gemelas y aumentó la genotoxicidad en las concentraciones de NIC 12.5, 50 y 100µM mostrando un efecto modulador. Se encontraron diferencias en la distribución de clones *mwh* en todos los tratamientos, excepto con NIC 12.5 y 50 µM. RES mostró ser un modulador de los efectos de NIC. RES disminuyó la mortalidad de NIC. RES 0.418µM aumentó el daño genotóxico de NIC 50 y 300µM, mientras que RES 11 µM resultó ser recombinante y en co-tratamiento con NIC 12.5, 50 y 100µM aumentó el daño, mientras que hubo una aparente protección con NIC 300µM. Adicionalmente, la NIC tuvo un efecto tóxico directamente proporcional a su concentración.

ANÁLISIS DEL SECRETOMA DE LA INTERACCIÓN DE *Bacillus licheniformis* Y TRES HONGOS FITOPATÓGENOS

Morales-Barrón B M, Vázquez-González F J, González-Fernández R, De La Mora-Covarrubias A, Quiñonez-Martínez M, Nevárez-Moorillón V y Valero-Galván J

Universidad Autónoma de Ciudad Juárez.

Jose.valero@uacj.mx

En un análisis del lixiviado de lombricomposta se han logrado caracterizar cinco cepas del orden Bacillales, las cuales fueron usadas para observar si éstas tenían la capacidad de competencia contra cuatro hongos fitopatógenos. Los resultados mostraron que la cepa de *B. licheniformis* tiene la capacidad de inhibir en un 71% a *P. capsici*, 42% a *F. oxysporum*, y 65% de *B. cinerea*. Se ha descrito que algunas especies del género *Bacillus* secretan proteínas con propiedades inhibitorias sobre otros microorganismos, por lo que el objetivo de este estudio es determinar cuáles son las proteínas que se secretan al medio en la interacción de *B. licheniformis* contra *F. oxysporum*, *P. capsici* y *B. cinerea*. La cepa *B. licheniformis* (UFC/mL 2.5×10^6) se inoculó en 500 mL de medio líquido nutritivo con cada una de las cepas de hongos y fueron incubadas por un periodo de 10 días. Al finalizar el periodo de incubación los medios fueron filtrados usando un filtro de 20µm descartando el material biológico y recuperando el sobrenadante. El sobrenadante fue liofilizado y 200 mg del liofilizado fueron usados para realizar la extracción de proteínas por el método de TCA-Fenol. Las proteínas fueron cuantificadas por el método de Bradford y 20 mg de proteína de cada una de las interacciones fueron separadas por electroforesis en geles de poliacrilamida al 13%. Los resultados mostraron que debido a los estímulos que reciben *B. licheniformis* presenta una variación fenotípica en los perfiles de proteínas secretadas entre el control *B. licheniformis* y la interacción con dichos hongos. Algunas proteínas secretadas por bacterias del género *Bacillus* como quitinasas y β-glucanasas tienen la capacidad de romper enlaces de proteínas estructurales en la pared de hongos y éstas llegan ser expresadas dependiendo de la estimulación del medio, debido a que estos hongos presentan diferencias en la pared celular, por lo que la secreción de proteínas varía según el hongo con el que realice la interacción.

NIVELES DE EXPRESIÓN DE ALGUNOS *Cyp450* EN LARVAS (ESTADIO III) DE *Drosophila melanogaster* (ARTROPODA: DÍPTERA) TRATADAS CON 4-NQO

Ramírez-Pérez S A¹, Piedra-Ibarra E¹, Santos-Cruz L F², Ramírez-Cruz B G², Dueñas-García I E² y Heres-Pulido M E²

¹Laboratorio de Fisiología Vegetal Unidad de Biotecnología y Prototipos; ²Laboratorio de Genética Toxicológica, FES Iztacala, UNAM, Av. de los Barrios, No.1. Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Estado de México, CP 54090, México.

elias_piedra_ibarra@hotmail.com

Los citocromos P450 pertenecen a una gran familia de genes cuyos productos se encuentran unidos preferentemente a la región citoplasmática del retículo endoplásmico liso. En *Drosophila melanogaster*, la superfamilia *Cyp450s* está constituida por 90 secuencias, entre las cuales se han identificado los *Cyp450s* esenciales para el desarrollo (Familia *Cyp300*), así como algunos que participan en el metabolismo xenobiótico (Familias *Cyp4*, *Cyp6*, *Cyp9*, *Cyp12* y *Cyp28*). En SMART en ala de *D. melanogaster* se ha demostrado que el 4-NQO es activado por lo *Cyp450s* y a la fecha no se ha descrito cuáles de ellos lo metabolizan. Por lo anterior, se evaluaron los niveles de expresión, mediante PCR semicuantitativa, de algunos *Cyp450s* en larvas de *D. melanogaster*, cepa Canton S en tercer estadio (72±4h) tratadas 24 h con 4-NQO [2mM] usando dos testigos positivos (cafeína 7.7mM y fenobarbital 1mM) y dos testigos negativos (agua miliQ y acetona 2%). Con ese fin, se diseñaron y sintetizaron oligonucleótidos para amplificar fragmentos de los genes *actina42a*, *Cyp4d2*, *Cyp4d14*, *Cyp4e2*, *Cyp6a2*, *Cyp6a8*, *Cyp6a17*, *Cyp6a23*, *Cyp6d5*, *Cyp6g1*, *Cyp6w1*, *Cyp9b2*, *Cyp9f2*, *Cyp12d1* y *Cyp28a5*. Partiendo de RNA total, se sintetizó cDNA (oligodT-GAGA) y mediante RT-PCR semicuantitativa, se determinaron los niveles de expresión de los *Cyp450* de interés respecto a los de *actina42a* (de expresión constitutiva). Los resultados muestran que el tratamiento con 4-NQO aumentó los niveles de expresión de *Cyp4d2* y *Cyp6a2*, disminuyó los de *Cyp6g1*, *Cyp9f2* y *Cyp28a5*, indujo a *Cyp4d14*, *Cyp4e2*, *Cyp6a17*, *Cyp6a23*, *Cyp9b2*, apagó a *Cyp12d1* y no modificó a *Cyp6w1*. Por otro lado, la cafeína indujo la expresión de cinco *Cyp450s* (*Cyp4e2*, *Cyp6a2*, *Cyp6g1*, *Cyp6w1* y *Cyp12d1*) y el fenobarbital a siete (*Cyp4e2*, *Cyp6a2*, *Cyp6a17*, *Cyp6g1*, *Cyp6w1*, *Cyp9b2* y *Cyp28a5*). El análisis de estos resultados permitirá aproximarnos al metabolismo de este xenobiótico en *Drosophila melanogaster*.

Proyecto PAPIIT-200814, UNAM.

ESPECIES REACTIVAS DE OXÍGENO EN MITOCONDRIAS DE *Drosophila melanogaster*, CEPAS OR(R)-flare y flare

Ponciano-Gómez J A¹, Sigris-Flores S C¹, Torres-Gregorio J T², Jiménez-Flores J R¹, Piedra-Ibarra E², Santos-Cruz L F³, Dueñas-García I E³ y Heres-Pulido M E³

¹Lab. de Inmunología, Unidad de Morfología y Función; ²Lab. de Fisiología Vegetal, Unidad de Biotecnología y Prototipos; ³Laboratorio de Genética Toxicológica. Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM. Av. de los Barrios No. 1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla. C.P 54090. Estado de México.

eugeniaheres@hotmail.com

Se considera que los radicales libres y en particular las especies reactivas de oxígeno (EROS) juegan un papel importante en el desarrollo y mantenimiento de enfermedades, como la diabetes y el cáncer, alteraciones que se encuentran entre las principales causas de morbimortalidad a nivel mundial. En la última década, ha crecido el interés por el papel de las EROS como moléculas de señalización, capaces de alterar diferentes funciones celulares. Existe una extensa bibliografía sobre modelos experimentales mamíferos para el estudio de las EROS mitocondriales (mEROs), sin embargo, a nivel internacional, por múltiples razones estadísticas, biológicas y éticas, se promueve el uso de modelos biológicos no vertebrados. Por lo anterior, nos propusimos utilizar a *Drosophila melanogaster* como modelo de estudio para mEROs porque representaba una opción acorde con la propuesta internacional. En *D. melanogaster* la cepa flare muestra niveles inducibles de citocromos P450 (Cyp450s), enzimas que son parte del metabolismo xenobiótico y la cepa OR(R)-flare, que es una mutante resistente al DDT, expresa niveles altos de Cyp450s. Dado que estas enzimas se relacionan con la producción de EROS, decidimos evaluar en ambas cepas la producción de mEROs, con el propósito de conocer el aporte de mitocondrias en la generación de EROS, que pueden dañar al DNA por estrés oxidante. Con citometría de flujo y diclorofluoresceína diacetato evaluamos las mEROs en mitocondrias aisladas de larvas de 72±4h de cada cepa. Mediante FACS detectamos eventos que morfológicamente (tamaño y granularidad) y funcionalmente se comportan como mitocondrias, lo que fue evidenciado mediante la tinción con Rodamina 123. Al evaluar la presencia de mEROs, en la cepa OR(R)-flare se presentaron 43% más especies reactivas que en la cepa flare, lo cual sugiere que los eventos mitocondriales están acoplados al metabolismo xenobiótico de la mutante resistente al DDT. Nuestros resultados muestran claramente que nuestro protocolo permite evaluar mEROs en cepas de *D. melanogaster*, por lo cual esta especie es un modelo experimental relevante para estudiar la generación de mEROs y estar en la posibilidad de relacionarla con la actividad de los genotóxicos que son activados por los Cyp450s.

NIVELES DE TRANSCRIPCIÓN DE GENES *Cyp450*, *H99*, *Hsps* Y *p53* EN DOS CEPAS DE LARVAS DE *Drosophila melanogaster*, TRATADAS CON ZEARALENONA

Torres-Gregorio J T¹, Ramírez-Cruz B G², Santos-Cruz L F², Heres-Pulido M E², Dueñas-García I E², Ponciano-Gómez J A³ y Piedra-Ibarra E¹

¹Laboratorio de Fisiología Vegetal, Unidad de Biotecnología y Prototipos; ²Laboratorio de Genética Toxicológica; ³Laboratorio de Inmunología, Unidad de Morfología y Función. Facultad de Estudios Superiores Iztacala. UNAM. Av. de los Barrios #1, Los Reyes Iztacala 34090, Tlalnepantla de Baz, Estado de México.

elias_piedra_ibarra@hotmail.com

La zearalenona (ZEN) es una micotoxina estrogénica no esteroidea sintetizada por varias especies de hongos del género *Fusarium*, que se presentan con frecuencia en los granos mal almacenados. La ZEN y sus metabolitos exhiben una potente actividad estrogénica que se ha implicado en desórdenes reproductivos en mamíferos; adicionalmente se han reportado efectos genotóxicos que no pueden ser explicados por su actividad estrogénica. Dado que en SMART en ala de *D. melanogaster* hemos demostrado que la ZEN no es genotóxica, y en este díptero solo existe un receptor de estrógenos huérfano, se propuso exponer larvas de *D. melanogaster* a la ZEN, para conocer la cantidad de transcritos de genes relacionados con el metabolismo xenobiótico, la respuesta al estrés oxidante y la apoptosis, y de esa manera aproximarnos a los mecanismos de acción de esta micotoxina. Se realizaron dos experimentos independientes en los cuales se trataron larvas de 3er estadio de dos cepas de *D. melanogaster*, *Oregon-flare*³ y *flare*³ con ZEN, fenobarbital (testigo positivo) y buffer de fosfatos (testigo disolvente), con dos repeticiones cada uno. Se diseñaron oligonucleótidos específicos para los genes de interés, se verificó la amplificación de un solo producto y su tamaño (100-200pb). Se evaluó el efecto de la ZEN (260µM) por 24 h en los niveles de expresión de los genes *Cyp6a2* y *Cyp6g1*; los relacionados con la respuesta al estrés oxidante *Hsp60* y *Hsp70*; con la reparación del DNA y apoptosis *p53*; y con los inductores de apoptosis *hid*, *grim* y *reaper* en larvas (72±4h) de *D. melanogaster*, mediante PCR tiempo real usando cDNA sintetizado a partir de mRNA. Las condiciones de amplificación fueron normalizadas con el transcrito β -*actina42a*. En los tratamientos con ZEN no se encontraron diferencias significativas en cuanto a los niveles de transcripción de los *Cyp450*, sin embargo, hubo cambios en la transcripción de genes relacionados con apoptosis y estrés oxidante lo que podría explicar el efecto citotóxico de la ZEN.

Proyecto PAPIIT-200814, UNAM.

EVALUACIÓN DEL EFECTO TÓXICO Y GENOTÓXICO DE LOS TRIPANOCIDAS S1-QN2-1 y D-1 EN *Drosophila melanogaster*

Ramírez-Cruz B G, Santos-Cruz L F, Dueñas-García I E, Gómez-Loza B, Salomé-García M, Durán-Díaz A, Hernández-Portilla L B y Heres-Pulido M E

Laboratorio de Genética Toxicológica, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM. Av. de los Barrios, los Reyes Iztacala, Tlalnepantla Edo. de México.

eugeniaheres@hotmail.com.

El mal de Chagas es una enfermedad potencialmente mortal, provocada por *Trypanosoma cruzi*, para combatirla se han empleado compuestos tripanocidas, pero estos han mostrado efectos tóxicos. Recientemente se han sintetizado compuestos derivados de quinazolininas, con excelente actividad tripanocida; sin embargo, para su uso en la industria se deben demostrar la falta de efectos adversos. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto tóxico y genotóxico de los tripanocidas S1-QN2-1 y D-1, mediante las pruebas CL₅₀ y SMART en ala de *D. melanogaster*, respectivamente. La prueba CL₅₀ se realizó en las cepas flare y Oregon-flare de *D. melanogaster* utilizando S1-QN2-1 o D-1 a las concentraciones 1.9, 3.9, 7.9, 15.8, 31.7, 63.5, 127, 254 y 508 µM, en tres experimentos independientes y cinco réplicas/tratamiento. Los datos se analizaron con ANOVA factorial y la prueba LSD ($p < 0.05$). El efecto genotóxico fue evaluado en las cruza estándar (CE) y bioactivación elevada (CBE) del SMART en ala de *D. melanogaster*, exponiendo larvas de 72±4 h a los tratamientos: agua, EtOH 2 %, DMN 74 µM, S1-QN2-1 o D-1 a las concentraciones 2, 4, 8 y 16 µM en tres experimentos independientes y tres réplicas/tratamiento. El análisis estadístico se hizo con la prueba Kastembaun-Bowman ($p \leq 0.05$). Adicionalmente, se realizó un HPLC a moscas tratadas con los tripanocidas para determinar los remanentes de estos compuestos y/o sus metabolitos. Nuestros resultados indicaron que ambos compuestos fueron subtóxicos a todas las concentraciones probadas y en ambas cepas. En la prueba SMART se encontró que el S1-QN2-1 solo presentó genotoxicidad para la CE y diferencias entre las cruza, mientras que el D-1 no presentó genotoxicidad en ninguna cruza, ni diferencia entre estas. En el análisis HPLC no se encontraron trazas de los compuestos analizados. Concluimos que ambos tripanocidas fueron subtóxicos en ambas cepas y solo el S1-QN2-1 fue genotóxico. Las diferencias en la genotoxicidad del S1-QN2-1 en ambas cepas y la falta de trazas del compuesto en el HPLC puede indicar la participación de los Cyp450s en su metabolismo.

Proyecto PAPIIT- IG200814-3, UNAM.

OSCILACIÓN DE FRECUENCIAS GÉNICAS EN POBLACIONES EXPERIMENTALES DE *Drosophila pseudoobscura*

Salceda V M

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. MÉXICO

victor.salceda@inin.gob.mx

El polimorfismo cromosómico se caracteriza por cambios en las frecuencias relativas en la estructura genética de una población. Las variaciones pueden ser temporales o espaciales, mismas que permiten la adaptación de la población a los cambios ambientales. Nos referiremos a las fluctuaciones temporales en cuatro poblaciones experimentales de *Drosophila pseudoobscura*, que se establecieron a partir de la descendencia de colectas de la naturaleza y mantenidas en cajas de población a temperatura y humedad relativa constantes, lo que permiten una talla poblacional de 4000 a 6000 individuos. De éstas se obtienen muestras de larvas para obtener por disección cromosomas politénicos y así determinar el genotipo y las frecuencias relativas, las que se hicieron cada mes durante 4-6 muestreos. Poblaciones de esta especie muestran 2-3 inversiones principales con frecuencias conjuntas del 90% del total y de 4-7 secundarias que completan la muestra. Los cambios se presentan fundamentalmente en los componentes principales ya que al incrementarse uno, el otro disminuye, aunque los incrementos/decrementos pueden originarse entre los dos tipos con oscilaciones a través del tiempo. Se obtuvieron los datos siguientes: población Tulancingo, cuatro muestreos, la inversión TL (Tree Line) pasa de 54 a 70% y su contraparte CU (Cuernavaca) de 34 a 17%. Población Zirahuén, tres componentes principales SC (Santa Cruz) de 34 a 36%, TL de 25 a 30% y CU de 23 a 5% y de los secundarios OA (Oaxaca) de 10 a 5% y EP (Estes Park) de 3 a 12%. Población Xochimilco CU de 51 a 16%, TL de 33 a 44%, EP de 8 a 10% con un máximo intermedio de 17% y OL (Olympic) de 1 a 18%. Población Nevado de Colima SC de 65 a 45% con oscilación máxima de 74%, TL de 20 a 29% y un mínimo de 16%, OL de 5 a 17%. En general, en las cuatro poblaciones, el resto de las inversiones secundarias fluctuaron en promedio dos por ciento, no existiendo cambios ambientales, por tratarse de poblaciones experimentales en condiciones controladas. Los cambios observados se atribuyen a la dinámica interna de las interacciones de las diferentes inversiones constitutivas de cada población tendientes a su equilibrio.

EL MicroRNA-204 INHIBE LA PROLIFERACIÓN CELULAR, INVASIÓN Y ANGIOGÉNESIS MEDIANTE LA REPRESIÓN DIRECTA DE LOS GENES PRO-ANGIOGÉNICOS *ANGPT1* Y *TGFβ2* EN CÁNCER DE MAMA

López-Camarillo C¹, Flores-Pérez A¹, Marchat Annie L², y Rodríguez-Cuevas S³

¹Posgrado en Ciencias Genómicas, Universidad Autónoma de la Ciudad de México. ²Programa en Biomedicina Molecular y Red de Biotecnología, ENMyH-IPN. ³Instituto de Enfermedades de la Mama, FUCAM.

cesar.lopez@uacm.edu.mx

Los microRNAs (miRNAs) son RNAs pequeños no codificantes que regulan de manera negativa la expresión genética mediante la unión específica a la región 3'UTR de sus genes blancos, resultado en la degradación o la inhibición de la traducción de los transcritos. La expresión de los miRNAs se desregula frecuentemente en cáncer contribuyendo en la carcinogénesis y correlacionan con las características clínico-patológicas de los pacientes por lo que representan nuevos marcadores pronósticos y blancos terapéuticos. En el presente estudio analizamos el microRNoma de tumores de pacientes con cáncer de mama e identificamos 54 miRNAs desregulados (34 reprimidos y 20 sobreexpresados). De manera interesante, encontramos una severa represión del miR-204, un RNA pequeño que no había sido previamente relacionado con la angiogénesis. Estos hallazgos fueron validados en 780 tumores obtenidos de The Cancer Genome Atlas y en 5 líneas celulares de cáncer de mama. Mediante análisis de ganancia de función utilizando RNA mimics demostramos que la restauración del miR-204 en líneas celulares inhibió la proliferación celular, el crecimiento independiente de anclaje, la migración e invasión, así como la angiogénesis *in vitro*. Más aun, el miR-204 inhibió la formación de estructuras 3D tipo capilares y la vascularización en un modelo murino de angiogénesis. El análisis genómico del transcriptoma de las células MDA-MB-231 transfectadas con el miR-204 reveló que 238 genes fueron reprimidos de los cuales 22 contienen sitios de unión para el miR-204 en su región 3'UTR. De estos, estudiamos los genes pro-angiogénicos *ANGPT1* y *TGFβ2* y mediante ensayos de luciferasa y rescate genético demostramos que ambos genes son efectores río abajo del miR-204. De manera congruente, encontramos una correlación inversa en la expresión del miR-204 y las proteínas *ANGPT1* y *TGFβ2* en los tumores. Además, el silenciamiento génico de *TGFβ2*, pero no de *ANGPT1*, inhibió la proliferación y migración, mientras que el knockdown de ambos genes inhibió la angiogénesis. Nuestros hallazgos revelan por primera vez una nueva función del miR-204 en la angiogénesis, por lo que proponemos que la manipulación de su expresión puede representar un promisorio enfoque en la terapia del cáncer de mama. Proyecto financiado por CONACYT Ciencia Básica proyecto #222335.

ACTIVIDAD CICATRIZANTE DEL INHIBIDOR DE CATEPSINA D DE *Solanum elaeagnifolium* EN UN MODELO *IN VIVO*

Montenegro Vázquez V F, Aquino Carreño A, De la Mora Covarrubias A, López Díaz J A, Jiménez Vega F y Vargas Requena C L

Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Instituto de Ciencias Biomédicas. Av. Plutarco Elías Calles 32310, CP 32310; Ciudad Juárez, Chihuahua.

cvargas@uacj.mx

La pérdida de continuidad de la piel, puede ser ocasionada por innumerables factores o agentes que activan diversos mecanismos celulares que aceleran el proceso de reparación. La catepsina D (CD), enzima cuya función es eliminar células y proteínas integrantes de matriz extracelular destruidas durante la lesión, eleva su expresión en lesiones agudas y crónicas; generando retraso o ausencia de cicatrización. La evaluación del Inhibidor de catepsina D (ICD) de *Solanum elaeagnifolium* en un modelo *in vitro* reveló el potencial de esta proteína para ser usada como una molécula mediadora en el proceso de cicatrización. En el presente estudio se evaluó el efecto del ICD a concentraciones de 5 y 10 µg en una herida en piel utilizando un modelo murino, se observó aceleración en el tiempo de cierre de la herida en los primeros 6 días post aplicación de ICD en cualquiera de las dos concentraciones con respecto a las lesiones control. A partir de las tomas de piel de la herida se evaluó la expresión de los transcritos codificantes para las proteínas colágeno 1, colágeno 3, elastina, alfa-actina, factor de crecimiento transformante beta 1 y procatepsina D; los resultados de PCR muestran una expresión similar tanto en los tratamientos como en las heridas control, en las muestras colectadas a los 3 y 7 días; la expresión se reprime para el día 14 en las heridas control, mientras que en los tratamientos se mantiene expresado el gen. El análisis a nivel histológico revela que la aparición de las características similares al tejido original se presenta más rápido en las heridas sometidas a tratamiento con el ICD. Estos resultados indican que la disminución de la actividad proteolítica de CD, acelera la síntesis de las proteínas que componen la matriz extracelular lo que por consiguiente estimula la migración, proliferación y diferenciación celular.

RESPUESTA INMUNE EN PACIENTES CON OBESIDAD Y LESIONES INTRAEPITELIALES O CÁNCER CERVICOUTERINO

Picazo-Pérez L, Vargas-Requena C L, López-Díaz J A, Salcedo-Vargas M, Arellano-Ortiz A y Jiménez-Vega F

Laboratorio de Biotecnología. Instituto de Ciencias Biomédicas. Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Av. Plutarco Elías Calles 1210, 32310, Cd. Juárez, Chih.

fjimenez@uacj.com

La respuesta inmune participa activamente en la regulación del organismo al contrarrestar la acción de agentes extraños o la presencia de daño celular; esto lo logra a través de la liberación de productos inflamatorios como las citocinas; las cuales, en presencia de daño persistente generan un ambiente pro inflamatorio crónico. Dicho ambiente se ha asociado a enfermedades metabólicas como la obesidad y el cáncer. Por ello, esta investigación evaluó la respuesta inmune inflamatoria a través de la expresión de citocinas pro inflamatorias en mujeres con sobrepeso y obesidad que presentaran lesiones intraepiteliales o cáncer cervicouterino dentro de una muestra poblacional de Ciudad Juárez. Se obtuvo la participación de 59 mujeres que asistieron a la Clínica de Colposcopia Jurisdicción Sanitaria II, Ciudad Juárez. Quienes firmaron una carta de consentimiento, seguido por la clasificación de normopeso, sobrepeso y obesidad según su índice de Masa Corporal (IMC) y su diagnóstico cervicouterino, sin lesión (n=18), lesión intraepitelial de alto grado (LIEAG) (n=24) y cáncer cervicouterino (CaCu) (n=17). La expresión de citocinas pro inflamatorias se realizó en tejido cervicouterino, después de la extracción del RNA, seguido por la síntesis de DNA complementario (cDNA); continuando con la amplificación para los cebadores de interleucina (IL-) 6, IL-8, IL-10, factor de crecimiento vascular endotelial (VEGF) y factor de necrosis tumoral alfa (TNF- α) por PCR punto final. Los productos obtenidos fueron analizados densitométricamente con el programa ImageJ® para realizar el índice de expresión relativa a cada gen, utilizando al gen ribosomal 18S como gen constitutivo. Una vez obtenido el índice de expresión relativa, fue utilizado el programa estadístico SPSS Statistic 20.0® para el análisis estadístico. En mujeres con obesidad hay una sobreexpresión de IL-6 y TNF- α (p=0.001) a medida que aumenta el daño cervicouterino; así mismo, la expresión de citocinas pro inflamatorias aumenta al aumentar el tejido adiposo. En conclusión, el ambiente inflamatorio generado por la obesidad se asocia con el desarrollo y progresión de CaCu por la sobreexpresión de citocinas pro inflamatorias como IL-6, IL-10 y TNF- α ; permitiendo la creación de programas de prevención en el desarrollo de CaCu en pacientes que presenten lesiones intraepiteliales.

EFFECTO DE LA ASOCIACIÓN DE FIBRA DIETARIA Y COMPUESTOS POLIFENÓLICOS DE MANGO (*Mangifera indica*, cv. Ataulfo) EN LA EXPRESIÓN DE GENES INVOLUCRADOS EN EL METABOLISMO DE LÍPIDOS

Romero-Bejarano A¹, Jiménez-Vega F¹, Pelayo-Benavides H R¹, González-Aguilar G², De la Rosa-Carrillo L¹ y López-Díaz J A¹

¹Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, Instituto de Ciencias Biomédicas. Av. Plutarco Elías Calles 1210, Col. Fovissste Chamizal, 32310 Cd Juárez, Chihuahua, México. ²Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C. Carretera a la Victoria Km. 0.6 Hermosillo, Sonora, México.

joslopez@uacj.mx

Las enfermedades cardiovasculares son un problema de salud pública que provocan la muerte de millones de personas. La dieta es un factor para su desarrollo y diversos tratamientos se han enfocado en los alimentos funcionales por su contenido de compuestos bioactivos. Un ejemplo es el mango, contiene compuestos polifenólicos (CP) que ejercen acción en el metabolismo de lípidos y en la respuesta antioxidante interfiriendo en la expresión de algunos genes, entre ellos, *Srebp-1c*, *Ppar- α* , *Srebp2*, *Lxra*, *Nrf2* y *Mrp2* mejorando los niveles de lípidos sanguíneos y la concentración de especies reactivas de oxígeno. Sin embargo, los CP pueden interactuar con la fibra del mismo fruto, interfiriendo en su asimilación y afectando las propiedades que se les atribuye. Para probar lo anterior, a 18 ratas se les indujo hipercolesterolemia (HC) y a 18 se les mantuvo normocolesterolémicas (NC), posteriormente cada uno de los grupos fue dividido en 3: dieta control, dieta A (Extracto de CP de mango) y dieta B (CP de mango asociados a la matriz alimentaria). Los días 0, 7, 14, 21, 28, 35 y 42 del bioensayo, se analizó Colesterol Total, Triglicéridos, colesterol HDL y LDL, en suero. Al finalizar el bioensayo (6 semanas) se analizó la expresión de los genes *Srebp-1c*, *Ppar α* , *Srebp2*, *Lxra*, *Nrf2* y *Mrp2* por PCR cuantitativa. Los resultados mostraron que los valores lipídicos no están en función del consumo de CP de mango. Los valores en la expresión del gen *Srebp-1c* mostraron una tendencia a la disminución en comparación con el control, en las ratas HC y NC alimentadas con la dieta A y B, sin mostrar diferencias significativas entre ellas, con el control o con la presencia de la fibra de la matriz. Los genes *Ppar- α* , *Srebp2*, *Nrf2* y *Mrp2* mostraron una tendencia al aumento en las ratas NC alimentadas con la dieta A en comparación con la dieta control y la dieta B; sin embargo, este efecto no puede ser replicado cuando los CP se administran como parte de la matriz alimentaria, sugiriendo interferencia de la fibra. Concluyendo que la combinación de ambos efectos puede dar como resultado la regulación del metabolismo de lípidos, al disminuir la síntesis de ácidos grasos y triglicéridos y al aumentar la oxidación de ácidos grasos.

EXPRESIÓN DE microRNAs INDUCIDOS POR CONTAMINANTES ATMOSFÉRICOS DEL VALLE DE MÉXICO EN PLANTAS SILVESTRES

Cortés-Eslava J¹, Gómez-Arroyo S¹, Arenas-Huertero F², Loza-Gómez P¹, Grutter M M³ y Rentería-García J¹

Laboratorios de ¹Genotoxicología Ambiental y ³Espectroscopía y Percepción Remota, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México. Circuito Exterior Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, México D.F., ²Laboratorio de Patología, Hospital Infantil Federico Gómez.

jcortes@atmosfera.unam.mx

Los efectos biológicos inducidos por los contaminantes atmosféricos son diversos, se menciona su participación en la inducción de cáncer, efectos reproductores adversos y enfermedades crónico-degenerativas. El uso de biomonitores, capaces de reaccionar ante un contaminante antes de que éste impacte sobre los seres humanos tiene numerosas ventajas, las plantas son excelentes por su economía y capacidad de respuesta a los cambios ambientales. Los microRNAs, tipo específico de RNA no codificante, que regulan la expresión de genes individuales conteniendo de 17 a 25 nucleótidos; el miRNA398 está relacionado con tolerancia a estrés. A través de la técnica de PCR de punto final se evaluó la expresión del miRNA398 en *Taraxacum officinale* y *Robinsonecio gerberifolius* expuestas al aire de la Ciudad de México en el Centro de Ciencias de la Atmósfera de la UNAM y en la estación meteorológica "Altzomoni" en el Parque Nacional Izta-Popo, en temporada de lluvias y secas. Grupos de ambas plantas se mantuvieron por 6 semanas, los testigos permanecieron en una cámara de crecimiento con condiciones controladas. Concluida la exposición, las hojas fueron cortadas, pesadas, congeladas y procesadas para la extracción de RNA mediante la técnica del trizol; se determinó su concentración y pureza y se procedió a la síntesis de cDNA siguiendo el procedimiento del "kit" de Thermo Scientific. Se realizó la PCR de punto final mezclando los reactivos correspondientes con los oligonucleótidos diseñados previamente, incubando en el termociclador bajo condiciones específicas. Los productos se corrieron en un gel de poliacrilamida 10% a 110 Voltios durante 55 min, se tiñeron con plata y se capturaron las imágenes con las bandas reveladas. Los resultados mostraron respuesta diferencial de ambas plantas en cada sitio y en las dos temporadas. La expresión elevada del miRNA398 en la semana 6 con relación a la semana cero y al testigo, permiten concluir su papel como indicador de contaminación ambiental asociada a estrés y la pertinencia del uso de las plantas como biomonitores. Agradecimientos al Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica PAPIIT, Universidad Nacional Autónoma de México por el apoyo al proyecto IN225114.

EXPRESIÓN GÉNICA DEL RECEPTOR STRA6 EN PACIENTES CON LESIONES INTRAEPITELIALES Y CÁNCER CERVICOUTERINO

Luna-Flores B S, Arellano-Ortiz A L, Alderete-Torres L C, Romero A, Vargas-Requena C L, López –Díaz J A y Jiménez-Vega F

Laboratorio de Biotecnología. Departamento de Ciencias Químico-Biológicas. Instituto de Ciencias Biomédicas. Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Av. Plutarco Elías Calles #1210, Fovissste Chamizal, Ciudad Juárez, Chihuahua, México. C.P. 32310.

fjimenez@uacj.mx

El cáncer cervicouterino (CaCu) en México ocupa el segundo lugar en tasa de incidencia y mortalidad. Entre sus factores de riesgo se encuentra la baja ingesta de vitamina A, la cual junto con sus derivados han sido utilizados como agentes coadyuvantes en el tratamiento de esta enfermedad. Esto lo hace activando receptores específicos como el receptor de membrana celular STRA6 (Stimulated by retinoic acid gene 6) que entre sus actividades catalíticas incluye flujo y eflujo de la vitamina A. De esta forma el presente estudio busca evaluar la expresión génica del receptor STRA6 en tejido de cérvix con diferentes grados de lesión y CaCu. Fueron tomadas 150 muestras de tejido de cérvix de pacientes que asistieron a la Clínica de Colposcopia de la Jurisdicción Sanitaria II de Ciudad Juárez, Chihuahua, divididas en 4 grupos: pacientes sin lesión (n=38), con LIEBG (n=38), con LIEAG (n=39) y CaCu (n=28). Se llevó a cabo la extracción de RNA utilizando el método de Trizol®, posteriormente la síntesis del DNA complementario (cDNA) utilizando el kit Improm-II™ Promega y finalmente utilizando cebadores específicos se llevó a cabo la técnica de qPCR con el reactivo SYBR Green para determinar la expresión del receptor STRA6 y como gen constitutivo el 18s ribosomal. Entre los resultados obtenidos la media de rangos para cada grupo fue: pacientes sin lesión 78.05, de LIEBG 68.61, de LIEAG 69.64 y para CaCu 71.68. Estos valores mostraron que la expresión relativa de STRA6 no fue diferente significativamente entre los grupos ($p=0.754$), por lo que el grado de lesión y CaCu no influye en la expresión del gen STRA6. Por esta razón se sugiere realizar un análisis de la expresión proteica del receptor, para obtener una evaluación integral del papel que desempeña STRA6 en la progresión de CaCu.

EFFECTO DEL EJERCICIO SOBRE LA EXPRESIÓN GENÉTICA EN EL PROCESO PATOGENICO DE LA ARTRITIS INDUCIDA POR PROTEOGLICANO EN RATÓN

González-Chávez S A, Quiñonez-Flores C M, Burrola De Anda J y Pacheco-Tena C

Laboratorio PABIOM, Facultad de Medicina y Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Chihuahua. Circuito No. 1, Nuevo Campus Universitario, Chihuahua, Chih., México. C.P. 31240.

dr.cesarpacheco@gmail.com

El ejercicio es recomendado en el tratamiento de la espondiloartritis y tiene efectos benéficos a nivel sistémico; sin embargo, se desconoce su influencia sobre los mecanismos moleculares de inflamación y neoformación ósea. Los modelos animales de espondiloartritis muestran vías de señalización de osificación sobre reguladas incluyendo a Wnt y BMP. Además, se ha demostrado que la neoformación ósea está influenciada por el estrés mecánico a través de la señalización de MAPK. El ejercicio es un estresante mecánico que pudiera estar vinculado con los mecanismos patogénicos de la enfermedad. Nuestro objetivo fue evaluar el efecto del ejercicio sobre la expresión genética y vías de señalización en el modelo de artritis inducida por proteoglicano (AIPG). El modelo fue inducido en ratonas BALB/c con proteoglicano bovino. Los animales fueron divididos en dos grupos, uno de los cuales fue sometido a una rutina de ejercicio en caminadora durante 10 semanas. Posteriormente se analizó el acondicionamiento físico, las citocinas inflamatorias séricas y la expresión génica mediante microarreglos de DNA. El análisis bioinformática se realizó en la plataforma DAVID. Los procesos biológicos y vías de señalización se consideraron significativos con valores de $p \leq 0.05$. El ejercicio aumentó la condición física de los ratones ($p=0.018$). Varias citocinas séricas fueron influenciadas por el ejercicio, de las cuales la IL-6 se aumentó significativamente. El ejercicio sobre- e infra-reguló 1,183 y 1,371 genes respectivamente ($Z\text{-score} \geq 1.5$ DE). De los genes relacionados al proceso inflamatorio solo fueron encontradas vías infra reguladas, incluyendo las de receptores de citocinas, Jak-STAT, quimiocinas y receptores de tipo Toll. En cuanto a la formación de hueso, se encontraron desreguladas las vías de señalización de Wnt y MAPK. En la señalización de Wnt, se encontraron sobrerregulados genes relacionados con la osificación como *Wnt*, *β -catenina* y *c-jun*. Nuestros resultados muestran el efecto del ejercicio sobre el proceso patogénico en la AIPG. El ejercicio permitió el acondicionamiento físico de los ratones; sin embargo, aumentó notablemente los niveles séricos de IL-6 y tuvo una influencia significativa en la regulación génica de los principales procesos biológicos y las vías de señalización asociadas con la inflamación y la formación de hueso en espondiloartritis.

VARIABILIDAD GENÉTICA DE CUATRO ESPECIES DE OPUNTIOIDEAS DE SAMALAYUCA MEDIANTE PERFILES DE PROTEÍNAS

González-Domínguez S, Valero-Galván J y Bojórquez-Rangel G

Laboratorio de Biología Celular y Genética, Instituto de Ciencias Biomédicas, Departamento de Ciencias Químico-Biológicas, Av. Plutarco Elías Calles #1210, Fovissste Chamizal Ciudad Juárez.

al103672@alumnos.uacj.mx

El género *Opuntia* dentro del Área de Protección de Flora y Fauna Médanos de Samalayuca, ha presentado perturbaciones en su hábitat, como el intenso saqueo para uso ornamental, aperturas de áreas para agricultura y ganadería y construcción de caminos, lo que ha representado una disminución en sus poblaciones. Esta fragmentación constituye una amenaza para los recursos genéticos por lo que el objetivo de este trabajo fue evaluar la variabilidad genética interespecífica de cuatro especies de opuntias e intrapoblacional de *O. engelmannii*, presentando un análisis de los perfiles de proteínas de polen de estas plantas. Las flores se tomaron con un muestreo dirigido recolectando diez flores por individuo y diez individuos por especie. Las proteínas se extrajeron con un protocolo basado en TCA (Ácido tricloroacético-fenol) y se analizaron en geles SDS-PAGE 10%. Los resultados mostraron la visualización de 66 bandas proteicas, las cuales se encontraron en un rango de 250 a 10 kDa. Se realizó un análisis estadístico multivariado de las bandas observadas a través de agrupamientos y análisis de componentes principales. El análisis permitió la separación de estas especies, siendo la menos relacionada *Opuntia phaeacantha*, seguido de dos poblaciones de *O. engelmannii* y las de mayor similitud por *O. macrocentra* y *O. polyacantha* var. *arenaria*. La diversidad genética dada por el porcentaje de *loci* polimórficos y heterocigosidad, presentaron valores de 43.94% y 0.142 respectivamente para estas especies, lo que indica una baja variabilidad genética en las especies de interés, esto debido probablemente a factores como la apomixis, la reproducción clonal, las pequeñas poblaciones que facilitan la invasión de nuevas especies, la fragmentación del hábitat que afecta los procesos de polinización y de manera indirecta interacciones como competencia y depredación, la contaminación por basura y la introducción de especies introducidas en las áreas nativas de estas opuntias

EFFECTO DE LOS ÓXIDOS DE VANADIO SOBRE LA PROLIFERACIÓN DE LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS *IN VITRO*

Mateos-Nava R A^{1,2}, Rodríguez-Mercado J J¹, Álvarez-Barrera L¹ y Altamirano-Lozano M A¹

¹Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental, Laboratorio 5-PA de la UMIEZ, Facultad de Estudios Superiores-Zaragoza, Campus II, UNAM, Batalla del 5 de mayo esq. Fuerte de Loreto, Ejército de Oriente, Iztapalapa C.P. 09230, Ciudad de México. ²Posgrado en Ciencias Biológicas, Unidad de Posgrado, Coordinación del Posgrado en Ciencias Biológicas Edificio B 1er Piso, Circuito de Posgrados Cd. Universitaria, Del. Coyoacán C.P. 04510, Ciudad de México.

maal@unam.mx

El vanadio se encuentra ampliamente distribuido en la Tierra, sus óxidos son abundantes en la atmósfera y los seres humanos están expuestos a ellos. En estudios *in vitro* se ha demostrado que los compuestos de este metal interactúan con las moléculas biológicas, en especial aquellas que dependen del ion fosfato, cinasas y fosfatasa, lo que lleva al retraso de la proliferación de las células; esto ha sido evidenciado en ensayos citogenéticos previos con los óxidos quienes disminuyen los índices mitótico y de replicación e incrementan el tiempo de proliferación celular de linfocitos humanos, sin embargo no se sabe en qué fase del ciclo celular se encuentran ni cuáles proteínas son las encargadas de esto, por lo que en este trabajo se evaluó si la administración de trióxido, tetraóxido o pentóxido de vanadio (V_2O_3 , V_2O_4 , V_2O_5 , respectivamente) en concentraciones de 2, 4, 8 o 16 $\mu\text{g}/\text{mL}$ a cultivos de linfocitos humanos modifica la proliferación celular, así como los niveles de las proteínas que la controlan como son p53, p21 y cdc25C. Primero se determinó en cuál fase del ciclo se detienen evaluando el contenido de DNA por citometría de flujo y a continuación se determinaron los niveles de las proteínas mediante la técnica de western blot. Con respecto al contenido de DNA no presenta cambios significativos en las fases de los grupos tratados con respecto al sin tratamiento, en cuanto a p53, p21 y cdc25C hay incremento en 8 y 16 $\mu\text{g}/\text{mL}$. Si bien de manera citogenética se presenta retraso en la proliferación, no se observó que sea en alguna fase en específico, aunque es probable que el aumento en los niveles de p53 y p21 por una parte sean los responsables de esto además de que haya otras moléculas involucradas y por otra que a su vez se dé la señal por parte de cdc25C de que proliferen y esto propicie que no se vea respuesta clara en las fases.

Este trabajo fue desarrollado con el apoyo del proyecto UNAM DGAPA PAPIIT-IN224916

POTENCIAL GENOTÓXICO DE LODOS RESIDUALES PROCEDENTES DE PLANTAS TRATADORAS DE AGUA EN CIUDAD JUÁREZ

Bastarrachea Q y Bojórquez-Rangel G

Laboratorio de Biología celular y genética, Instituto de Ciencias Biomédicas. Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, 32310, Anillo Envolvente Pronaf S/N, Ciudad Juárez, Chihuahua, México

quetzi.be@gmail.com

En la actualidad la exposición a contaminantes de origen antropogénico representa un riesgo potencial a la salud de los organismos expuestos y al ambiente. Uno de estos contaminantes son el resultado del tratamiento de aguas negras que dan lugar a los lodos residuales que han llamado la atención debido a su manejo, utilización y disposición posterior, ya que conservan un carácter tóxico provocando un efecto de bioacumulación de metales pesados y otros compuestos orgánicos en concentraciones variadas. En este estudio se analizó el potencial genotóxico de lodos residuales tanto crudos como deshidratados a partir del biomodelo *Allium cepa*, y se comparó con una muestra testigo. Se utilizaron 24 cebollas, 6 por cada tratamiento: lodos deshidratados, lodos crudos, control positivo (H_2O_2) y control negativo (suelo comercial irrigado con agua inyectable). Las cebollas fueron sumergidas por 48 horas en agua destilada, para posteriormente ser germinadas por 5 días en agua inyectable, transcurrido este tiempo fueron pasadas a su respectivo tratamiento por 48 horas bajo condiciones ambientales de laboratorio (22 °C con 12 horas de exposición a luz blanca). Una vez obtenidas las raíces se fijaron y tiñeron con orceína y se aplicó la técnica de "squash". En el análisis microscópico se contabilizaron 1,000 células por laminilla para evaluar alteraciones nucleares, micronúcleos e índice mitótico. El análisis se realizó a doble ciego y por triplicado. Alternativamente se analizaron alteraciones morfológicas de las raíces Finalmente se realizó el análisis estadístico utilizando el programa Minitab. Los resultados mostraron alta citotoxicidad en las raíces expuestas tanto a lodos crudos como deshidratados. Se observaron diferencias significativas en alteraciones nucleares y frecuencia de micronúcleos entre los tratamientos y controles mientras que el índice mitótico se vio abatido entre raíces tratadas con ambos lodos. Estos experimentos muestran un efecto potencial citotóxico y genotóxico de los lodos residuales en relación al control negativo en este modelo de estudio.

PERFIL DE EXPRESIÓN GÉNICA ARTICULAR EN RESPUESTA AL EJERCICIO EN UN MODELO ANIMAL DE ARTRITIS

Quiñonez Flores C M, González Chávez S A, Burrola De Anda J I y Pacheco Tena C

Laboratorio PABIOM, Facultad de Medicina y Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Chihuahua. Circuito No. 1, Nuevo Campus Universitario, Chihuahua, Chih., México. C.P. 31240.

dr.cesarpacheco@gmail.com

La artritis reumatoide (AR) es una enfermedad inflamatoria sistémica autoinmune que afecta principalmente a las articulaciones produciendo destrucción progresiva y pérdida de la función. El ejercicio es considerado uno de los tratamientos no farmacológicos de la AR. Sin embargo, los efectos moleculares del ejercicio a nivel articular han sido poco explorados y los resultados son controversiales. El objetivo del presente estudio fue determinar el perfil de expresión génica articular en respuesta a seis semanas de ejercicio moderado en caminadora en un modelo de artritis inducida por adyuvante (AIA) en rata. Los animales con AIA fueron aleatoriamente repartidos en un grupo sin ejercicio (control) y un grupo ejercitado (experimental). El modelo fue inducido con inyección intra-articular con adyuvante de Freund. Al concluir el programa de ejercicio, los animales fueron sacrificados y las articulaciones fueron recuperadas para determinar el perfil de expresión génica a través de la técnica de microarreglos. El ejercicio indujo un total de 719 genes diferencialmente expresados de los cuales 361 fueron sobre-regulados y 358 bajo-regulados. El análisis bioinformático a través de la plataforma DAVID mostró que los genes sobre-regulados están involucrados en diversas funciones biológicas entre las que destacan respuesta inflamatoria, angiogénesis, diferenciación celular, respuesta a hipoxia y a estrés oxidativo. Estos resultados sugieren que el ejercicio moderado en caminadora incrementa los eventos patológicos articulares descritos en la AR.

CONSERVACIÓN DE RESIDUOS DE LA TAPA FLEXIBLE DE SITIO ACTIVO DE LA UREASA

Aguirre-Reyes L G, Orozpe-Olevera J A, Martínez-Martínez A, Lobo-Galo N, González-Fernández R y Díaz-Sánchez A G

Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, Instituto de Ciencias Biomédicas, Departamento de Ciencias Químico-Biológicas, Anillo Envoltante del PRONAF y Estocolmo S/N, 32310, Cd. Juárez, Chihuahua, México.

angel.diaz@uacj.mx

La ureasa es una amido-hidrolasa responsable de la descomposición de la urea (la mayor forma de desecho de nitrógeno). Su estudio y su inhibición es un tema central en bioquímica, medicina y ecología. Los inhibidores más exitosos, hasta la fecha descritos, son aquellos que interaccionan con la Cys592, localizada en la tapa flexible del sitio activo. En especial aquellos inhibidores que logren bloquear el cierre y apertura de la ureasa durante la catálisis son deseables. El desarrollo de fármacos que bloquen la tapa flexible permitirá, no sólo utilizarlos como antibióticos, sino como una herramienta para estudiar el papel de la movilidad de la tapa en la catálisis. Hasta la fecha sólo se ha descrito el papel de la Cys592 y de la His593 (el ácido general) sobre la función de la ureasa. En este trabajo investigamos la diversidad genética de los diez residuos de aminoácidos presentes en esta asa en los genes de la ureasa disponibles en las bases de datos. En total 1000 genes de homólogos bacterianos y 1300 de hongos y plantas fueron analizados mediante estudios de alineamiento múltiple y co-evolución. Los primeros cinco residuos, VCHHL son conservados, lo cual sugiere una co-evolución y función cooperativa durante la catálisis. Por el contrario, tres residuos son altamente variables y la P598 y P160 son relativamente abundantes y podrían ser responsables de la flexibilidad conformacional del asa. Se describe la interacción de los residuos del asa con 10 inhibidores de la ureasa, usando la estrategia de docking. En la selección de inhibidores que funcionen como antibióticos, se tiene que considerar a los residuos que cada homólogo de la ureasa presenta en el asa flexible del sitio activo.

Agradecemos al PRODEP proyecto-AINPTC-178650 y a la UACJ por su financiamiento.

ESTUDIO COMPARATIVO DE LOS RESIDUOS DE AMINOÁCIDOS INVOLUCRADOS EN LA UNIÓN DE INHIBIDORES EN LA ENZIMA N-SUCCINIL-L,L-DIAMINOPIMÉLICO DESUCCINILASA

Castañeda-Breceda I L, Martínez-Martínez A, Valero-Galván J y Díaz-Sánchez A
G

Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, Instituto de Ciencias Biomédicas, Departamento de Ciencias Químico-Biológicas, Anillo Envolvente del PRONAF y Estocolmo S/N, 32310, Cd. Juárez, Chihuahua, México.

angel.diaz@uacj.mx

La vía del ácido meso-diaminopimelico/lisina (m-DAP/Lys) ofrece un punto de control antibacteriano potencial. La lisina es producida por esta vía y es requerida en la biosíntesis de proteínas. Un segundo producto, el ácido meso-diaminopimelico (m-DAP), es un componente esencial de las paredes celulares de las bacterias. La N-Succinil-L,L-Diaminopimélico Desuccinilasa (DapE) es una metalohidrolasa dependiente de Zn(II), de la familia de las proteasas M20 que participa en la vía m-DAP/Lys. Se ha demostrado que su delección es letal en *Helicobacter pylori* y *Mycobacterium smegmatis*; incluso cuando se suplementa al cultivo Lys. Esto sugiere que la actividad de DapE es esencial para el crecimiento. Un hecho importante es que en humanos no existen vías metabólicas similares a la vía de m-DAP/Lys, y carecen de DapE, lo cual la convierte en un excelente punto de control antimicrobiano mediante el empleo de inhibidores, eliminando posibles efectos secundarios. El desarrollo de inhibidores de DapE tanto de bacterias gramnegativas, como positivas requiere comprender la variabilidad de los residuos importantes en la catálisis y unión de sustratos. En el presente se identifican los residuos de aminoácidos potencialmente involucrados en la unión del sustrato en la DapE de *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus* por medio de docking y las diferencias entre las enzimas disponibles en las bases de datos públicas son discutidas.

Agradecemos al CONACyT proyecto-PN-2015-01-587 y a la UACJ por su financiamiento.

DIVERSIDAD DE RESIDUOS INVOLUCRADOS EN LA REACTIVIDAD DE LA CISTEÍNA CATALÍTICA EN LA SUPERFAMILIA DJ-1/THIJ/PFPI

Coronado-Ramírez C K, Díaz-Sánchez A G, Vázquez-Mayorga E, Bernal R, Dagda R y Martínez-Martínez A

Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, Instituto de Ciencias Biomédicas, Departamento de Ciencias Químico-Biológicas, Anillo Envoltante del PRONAF y Estocolmo S/N, 32310, Cd. Juárez, Chihuahua, México.

alejandro.martinez@uacj.mx

La superfamilia DJ-1/Thij/Pfpu es muy antigua y probablemente divergió después de la aparición de oxígeno en la atmosfera. Todos los miembros de la superfamilia poseen residuos de cisteína sensibles a las especies reactivas de oxígeno, que al oxidarse son reactivadas. Es posible que estas proteínas, en especial la proteína multifuncional DJ-1, sirva como sensores maestros de estrés. La alteración genética de esta proteína se relaciona con la presencia de la enfermedad del Parkinson. Las funciones de DJ-1 son dirigidas por la Cys106 catalítica. Ésta, presenta una gran reactividad debido a que su pK_a es cuatro órdenes de magnitud más baja que lo normal. Actualmente no se sabe qué residuos son los responsables de disminuir el pK_a de la Cys106. En el presente describimos el papel de residuos ionizables (aspártico y glutámico) localizados cerca de la Cys106. La presencia de residuos ionizables en el sitio activo es paradójica por dos razones, estos deberían de subir el pK_a en lugar de bajarlo y deberían de producir un potencial electroestático molecular superficial negativo y en su lugar dan cuenta con uno positivo. Se describe la diversidad de residuos ionizables a lo largo de la superfamilia y se discuten los resultados de las mutantes -sitio dirigidas- E15Q, E16Q, D24N y D24H, mutaciones presentes en algunos miembros de la superfamilia, en donde en éstos probablemente la reactividad de la Cys106 sea menor, como se observa en las enzimas mutantes de DJ-1 humana recombinante.

Agradecemos al CONACyT proyecto-CB-254483 y a la UACJ por su financiamiento.

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD GENOTÓXICA DE DIFERENTES HORTALIZAS, ESPECIAS Y HIERBAS EN COMBINACIÓN CON CICLOFOSFAMIDA Y 4-NITROQUINOLINA N-ÓXIDO EN *Drosophila melanogaster*, MEDIANTE EL ENSAYO SMART

Castañeda-Sortibrán A N, Ordaz-Téllez M G, Cruz-Galindo A K y Rodríguez-Arnaiz R

Laboratorio de Genética y Evolución, Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, Av. Universidad 3000, Ciudad Universitaria, México, Ciudad de México.

rosario.rodriguez@ciencias.unam.mx

Se ha demostrado que los jugos de varias hortalizas, especias y hierbas protegen contra ciertos carcinógenos. La capacidad antioxidante de varias hortalizas se ha documentado. En el presente estudio se evaluó la genotoxicidad del apio, el cilantro, el epazote, el perejil y los berros con el ensayo de mutación y recombinación somáticas (SMART) en alas de *Drosophila melanogaster* utilizando la craza estándar (ST) y la de alta bioactivación (HB). Las cruzas difieren en los niveles de expresión de los citocromos P450, mientras que en la ST los niveles son basales en la HB se sobre-expresan de forma constitutiva. Se evaluaron los efectos protectores de los extractos contra el 4-nitroquinolina N-óxido (4-NQO), un compuesto oxidante, y la ciclofosfamida (CP), un agente alquilante. Ambos promutágenos se emplearon solos y en combinación con los extractos. La mayoría de los extractos no fueron genotóxicos, aunque se observaron varios resultados positivos. El perejil indujo manchas en todas las concentraciones ensayadas en la craza ST y en la concentración más baja de la craza HB. El berro, el cilantro y el epazote produjeron algunos resultados significativos en ambas cruzas.

EVALUACIÓN GENOTÓXICA DEL LINURON A TRAVÉS DEL ENSAYO SOMÁTICO EN ALA DE *Drosophila melanogaster*

Martínez-Martínez V, Castañeda-Sortibrán A N y Rodríguez-Arnaiz R

Laboratorio de Genética y Evolución, Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias, UNAM. Av. Universidad 3000, Circuito Exterior S/N, Ciudad Universitaria 04510, Delegación Coyoacán. México, D.F.

rosario.rodriguez@ciencias.unam.mx

Los herbicidas representan el grupo de pesticidas de mayor uso en el sector agrícola mexicano, estos pueden tener un efecto en el ambiente y en los organismos expuestos. El linuron es un herbicida derivado de la urea que posee dos átomos de cloro, se emplea para combatir las malas hierbas que crecen en cultivos agrícolas, tales como cebada, cempasúchil, espárrago, gladiola, jacinto, maíz entre otros más. Su mecanismo de acción es inhibiendo la fotosíntesis, ya que impide la transferencia fotodependiente de electrones mediante su unión a la proteína D1 del fotosistema II. En este trabajo se evaluó el efecto genotóxico del linuron comercial en *Drosophila melanogaster* mediante el ensayo de mutación y recombinación somáticas (SMART) en ala, además de determinar la CL₅₀ del mismo mediante pruebas de letalidad. El ensayo SMART se basa en la pérdida de heterocigosis de los marcadores recesivos que se expresan como clones o manchas de tricomas múltiples (*mwh*) o mal formados (*flr³*). Para la CL₅₀ se realizó una prueba de letalidad de 48 hs, empleando larvas de 72±3 hs provenientes de la cruce *flr³xmwh*. En el ensayo SMART se utilizó como control negativo etanol al 5% y como control positivo mitomicina-C 0.15 mM y se evaluaron las concentraciones de 10 mM, 20 mM y 40 mM de linuron utilizando larvas de tercer estadio de las cruces, estándar ST (*flr³xmwh*) y de alta bioactivación HB (*ORR-flr³xmwh*). Se determinó la CL₅₀ del linuron en 37.15 mM. Se encontró con el ensayo SMART que el linuron tiene un efecto genotóxico. En la cruce ST el efecto genotóxico se observó en todas las concentraciones mientras que en la cruce HB el efecto se dio solamente en la concentración más alta correspondiente a 40 mM, por lo que se plantea que el metabolismo del linuron y por tanto su desintoxicación es dependiente de los niveles de citocromos P450 que se expresan de forma elevada en la cruce HB y por lo tanto esta cruce fue más eficiente.

EFFECTO GENOTÓXICO DEL VENENO DE *Crotalus molossus nigrescens* EN LEUCOCITOS HUMANOS

Barraza-Garza G, Muñoz J M, Meléndez-Martínez D L, Prospero-Ponce D L, Gatica-Colima A, Plenge-Tellechea L F

Departamento de Ciencias Químico-Biológicas, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Ciudad Juárez, Chihuahua, México.

fplenge@uacj.mx

El envenenamiento por vipéridos es un problema menor de salud pública, sin embargo, suele generar actividades tóxicas peligrosas para el paciente como alteración a la hemostasis, hemólisis, mionecrosis, dermonecrosis y hemorragias. Además, puede generar complicaciones secundarias al envenenamiento como trombocitopenia, problemas renales y daño persistente en tejidos expuestos al veneno. Estudios recientes han demostrado que esta clase de problemas están relacionados al estrés oxidativo producido por las toxinas contenidas en el veneno de vipéridos, los cuales han sido mayormente descritos en órganos como el hígado y riñón. Otras áreas de estudio demuestran que el estrés ocurre de igual forma en sangre, siendo este únicamente estudiado en eritrocitos; por lo que el objetivo de este trabajo fue describir el efecto genotóxico del veneno de *Crotalus molossus nigrescens* (vCMN) en leucocitos humanos mediante espectroscopia de infrarrojo por transformada de Fourier (ATR-FTIR) y tinción Hoechst/yoduro de propidio para medir la concentración citotóxica media. Para lograr el objetivo se aislaron leucocitos de donantes sanos y fueron expuestos a varias concentraciones de vCMN (0-4 µg/mL) por 24 h a 37 °C con 5% de CO₂, terminado el periodo de incubación 1x10⁴ células fueron utilizadas para la tinción Hoechst/yoduro de propidio observado mediante microscopia de fluorescencia; para ATR-FTIR se utilizaron 1x10⁴ células. Los leucocitos mostraron una concentración citotóxica media de 1.62 ± 0.9 µg/mL de vCMN; además de observar lisis en las células, también se observó condensación de la cromatina lo que sugiere que el veneno causa apoptosis; mediante ATR-FTIR se observó que el veneno causa desplazamiento en la banda de 1220 cm⁻¹ a 1240 cm⁻¹ en concentraciones mayores de 1.5 µg/mL, también presentó un aumento en la intensidad de la banda 1080 cm⁻¹ a 2.5-3.5 µg/mL vCMN indicando que hay fragmentación del DNA. En conclusión, el vCMN causa fragmentación de cromatina lo que podría desencadenando el proceso apoptótico observado en los leucocitos humanos analizados.

IDENTIFICACIÓN DE UNIDADES DE CONSERVACIÓN DE *Sphyrna lewini* EN EL PACÍFICO MEXICANO Y GOLFO DE MÉXICO, MEDIANTE MARCADORES GENÉTICOS

Castillo-Olguín E y Uribe-Alcocer M

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

ecoita12@gmail.com.

El tiburón *Sphyrna lewini* es una especie de importancia comercial en la industria pesquera, sin embargo, se ha reducido la talla de captura, lo que ha llevado a la especie de ser considerada como una especie con alto potencial pesquero, a ser una especie amenazada, en el 2007. La evaluación de los niveles de diversidad genética y divergencia poblacional en especies de importancia comercial mediante diferentes marcadores genéticos, permiten generar información que contribuya al conocimiento de la historia de vida de las especies, para que al identificar las unidades de conservación se propicie una adecuada administración pesquera. Por tal motivo se evaluaron siete muestras de *S. lewini* provenientes del Pacífico Mexicano y dos del Golfo de México, mediante marcadores mitocondriales y nucleares. Los análisis mostraron diferencias significativas en cuanto a la divergencia poblacional y a los niveles de flujo genético, mostrando que el análisis de los cinco haplotipos sugieren la presencia de dos unidades genéticas de conservación para cada cuenca oceánica, con el $\Phi_{ST}=0.58$ ($P= <0.005$), mientras que un análisis para el Pacífico muestra menor divergencia poblacional $\Phi_{ST}=0.057$ ($P=<0.005$), sin embargo los resultados de los análisis de los cinco loci de microsatélites presentan una divergencia de $F_{ST}=0.11$ ($P=<0.005$) para ambas cuencas y un valor de $F_{ST}=0.13$ ($P= <0.005$) para el Pacífico Mexicano. Los análisis de flujo genético entre las poblaciones del Pacífico Mexicano mostraron una mayor homogeneidad de flujo genético entre las localidades de esta región mientras que el flujo para los datos de microsatélites presenta un desplazamiento mayor de la zona de la boca del golfo de California a la parte norte del Pacífico Mexicano hacia la región del Golfo de Tehuantepec, sugiriendo la relación con sitios de crianza y alimentación. También se logró observar, que el origen de uno de los haplotipos analizados, muestra una diferenciación genética relacionada con el cierre del Istmo de Panamá hace 3.5 millones de años.

EVALUACIÓN GENOTÓXICA DEL HERBICIDA CLOMAZONE MEDIANTE EL ENSAYO DE MUTACIÓN Y RECOMBINACIÓN SOMÁTICAS (SMART) EN LAS ALAS DE *Drosophila melanogaster*

Flores-Loyola C M, Castañeda-Sortibrán A N y Rodríguez-Arnaíz R

Departamento de Biología Celular. Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias, UNAM. Circuito Exterior s/n, Coyoacán, Cd. Universitaria, 04510 Ciudad de México. Ciudad de México, D.F.

rosario.rodriguez@ciencias.unam.mx

El clomazone es un herbicida de uso agrícola destinado a eliminar malezas de hoja ancha y algunas gramíneas de cultivos como el algodón, arroz, calabacita, calabaza, caña de azúcar, chayote, chile, melón, pepino, sandía, soya y tabaco. El modo de acción del clomazone consiste en inducir la peroxidación de lípidos en las células mediante el bloqueo de la síntesis de carotenoides. El modo de aplicación generalmente es pre-emergente y es un compuesto moderadamente persistente en suelos y altamente soluble en agua. En este estudio se evaluó la genotoxicidad de dicho herbicida mediante la prueba de mutación y recombinación somáticas en las alas de *Drosophila melanogaster* empleando la craza estándar (ST) y la de alta bioactivación (HB), esta última se caracteriza por una elevada capacidad para biotransformar promutágenos y procarcinógenos. Se usaron larvas transheterocigotas de 72 +/- 3 hrs de edad las cuales se alimentaron de forma crónica con 3 concentraciones del herbicida (2.5%, 5% y 10%) y un control positivo (mitomicina C [0.15 mM]). El clomazone resultó genotóxico en las concentraciones 5% y 10% en ambas cruza.

EVALUACIÓN DE LA BIOCOMPATIBILIDAD *IN VITRO* DE UNA MEMBRANA DE POLIURETANO – SILOXANO CON POSIBLE APLICACIÓN BIOMÉDICA

Medina-Hernández A, Dávalos-de la Cruz K V, Aguilar-Santamaría M A y Cauich-Rodríguez J V

Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana. Av. Rafael Atlixco # 186. Col. Vicentina, Iztapalapa, 09340 México, D. F. Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C. (CICY) Calle 43 # 130, Col. Chuburná de Hidalgo, 97200, Mérida, Yucatán.

maas@xanum.uam.mx

En los últimos años se ha incrementado el uso de diferentes materiales para usos biomédicos, diseñados para interactuar con sistemas biológicos con el fin de reemplazar algún tejido, órgano o función del organismo. En el Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY), se formuló una membrana de poliuretano – siloxano 64 - 36 % que pretende ser empleada como sustituto de piel por lo que se evaluó su posible efecto cito y genotóxico mediante el ensayo de MTT y la actividad proliferativa a través del índice mitótico, la frecuencia de alteraciones cromosómicas numéricas y estructurales y el ensayo cometa. Se empleó como modelo experimental cultivo de linfocitos de sangre periférica humana donada por jóvenes de 25 años en promedio, sanos. De cada muestra se formaron dos lotes, testigo y experimental, con tres cultivos cada uno. Los experimentales se expusieron durante 48 h a la membrana previamente esterilizada. Los resultados obtenidos indican que las células sobreviven a la presencia del material, su actividad mitocondrial y la progresión del ciclo celular no se ven alteradas, el número cromosómico en ambos lotes fue de $2n=46$ y la frecuencia de aberraciones no difirió significativamente. En el ensayo cometa se observó que la proporción de células con daño es similar en ambos grupos, pero la longitud promedio de la migración y el porcentaje de DNA en la cauda muestran diferencias significativas. Se concluye que la membrana no es citotóxica pero sí muestra cierto grado de genotoxicidad que posiblemente la célula pueda reparar en virtud de que las células sobreviven a la presencia del material, proliferan y se conserva la integridad cromosómica, además de que el daño al DNA se encuentra en el límite inferior aceptado, sin exceder de 10 μ m. Estudios previos de este mismo material con dos proporciones diferentes de siloxano, 45 y 80%, tampoco resultaron cito ni genotóxicos a nivel cromosómico. Pero sería conveniente realizar el ensayo cometa con ellos para confirmar su inocuidad.

TOMA DE BIOPSIAS LAPAROSCÓPICAS PARA LA EXTRACCIÓN DE DNA DE HÍGADO Y BAZO EN PERROS

Rodríguez Alarcón C A, Figueroa Millán J V, Olivares Muñoz A, Cera Hurtado O S, Lira Amaya J J, Quezada Casasola A, Rivera Barreno R y Beristain Ruiz D M

Departamento de Ciencias Veterinarias UACJ-ICB, Centro Nacional de Investigaciones Disciplinarias en Parasitología Veterinaria del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícola y Pecuarias.

En la práctica diaria de la medicina veterinaria es común obtener biopsias hepáticas y esplénicas para estudios histopatológicos. No obstante, pueden realizarse para obtener DNA y realizar PCR de distintas enfermedades, como aquellas transmitidas por vectores (erliquiosis/anaplasmosis), que en ocasiones representan un reto en el diagnóstico. El objetivo del estudio fue establecer a la laparoscopia como un método eficaz para la obtención de biopsias y mediante la técnica de PCR establecer el diagnóstico de estas patologías. Para la realización de la presente investigación se contó con la autorización del Comité de Ética y Bioética de la UACJ. Se incluyeron 39 perros provenientes del Centro Antirrábico a los que se les practicaría eutanasia por lo que la cirugía fue terminal (sobredosis de pentobarbital sódico), los cuales se dividieron en dos grupos: Grupo A: 19 perros a los que se les tomaría las biopsias por celiotomía con la técnica de fractura por sutura. Grupo B: 20 perros a los que se les tomarían biopsias laparoscópicas con aguja Tru-Cut. La extracción del DNA se hizo con un kit comercial en el Laboratorio de Babesia del CINID-PAVET (INIFAP) y en el Laboratorio de Patología Clínica Veterinaria y Biología Molecular (UACJ). En promedio las biopsias obtenidas por cirugía convencional pesaron en 1 gr, mientras que las obtenidas por laparoscopia pesaron 20 mg. En todas las muestras de ambos grupos fue posible obtener DNA a partir de los tejidos, aunque se obtuvo una mayor cantidad de DNA en las muestras hepáticas. Fue posible realizar PCR al menos para tres patógenos diferentes (*E. canis*, *A. phagocytophilum* y *A. platys*) a partir de estas biopsias, lo cual es importante ya que se ha demostrado que en las fases crónicas de erliquiosis/anaplasmosis es difícil encontrar ricketsemia, pues el patógeno habita en órganos reservorios como hígado o bazo. Este es el primer trabajo en el que se propone la toma de biopsias laparoscópicas de dichos órganos para obtener DNA y diagnosticar estas patologías. Se observó que tanto el procedimiento de cirugía convencional como el de mínima invasión fueron adecuados para la obtención de DNA y realizar el diagnóstico.

DETECCIÓN MOLECULAR DE *Ehrlichia canis* y *Anaplasma phagocytophilum* EN PERROS QUE HABITAN LA ZONA URBANA DE CIUDAD JUÁREZ, CHIHUAHUA

Ordoñez López S, Rodríguez Alarcón C, Figueroa Millán J V, Quezada Casasola A, Lira Amaya J J y Beristain Ruiz D M

Departamento de Ciencias Veterinarias UACJ-ICB, Centro Nacional de Investigaciones Disciplinarias en Parasitología Veterinaria del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícola y Pecuarias.

diana.beristain@uacj.mx

Las enfermedades transmitidas por garrapatas como la ehrlichiosis y la anaplasmosis pueden afectar a humanos y animales en todo el continente americano y específicamente en México. Los signos clínicos son similares en ambas enfermedades, por lo que su diagnóstico se dificulta y se requieren herramientas más eficaces y específicas. El objetivo del presente trabajo fue detectar mediante PCR a *Ehrlichia canis* causante de erliquiosis monocítica canina (EMC) y *Anaplasma phagocytophilum*, causante de anaplasmosis granulocítica humana (AGH). Se estudiaron las muestras sanguíneas de 196 perros, con infestación natural de garrapatas al momento de la inspección, independientemente de manifestar o no signos clínicos compatibles con estas enfermedades. El trabajo se llevó a cabo en el Laboratorio de Babesia del CENID-PAVET INIFAP y el Laboratorio de Patología Clínica Veterinaria y Biología Molecular del ICB-UACJ. La extracción de DNA se realizó con un kit comercial. La detección se realizó por la técnica PCR anidada, y se visualizó el resultado por electroforesis en gel de agarosa, utilizando los cebadores ECC-ECB y HE-ECA para *E. canis* y GE3F-GE10R y GE9F-GE2R, para *A. phagocytophilum*. Se encontró 53 % (104) de los caninos positivos a *Ehrlichia canis*, y 12.75 % (25) positivos a *Anaplasma phagocytophilum*, finalmente, se observó co-infección por estos patógenos en 6.63 % (13) de los casos. El diagnóstico de estas enfermedades nos confirma la importancia de la garrapata como vector de enfermedades, y la capacidad de las mascotas de ser portadoras de enfermedades zoonóticas. Sin embargo, se requiere de más estudios en perros y garrapatas para la detección molecular de otros patógenos transmitidos por garrapatas de importancia en salud pública.

El presente trabajo fue financiado con fondos PRODEP y CONACYT.

HALLAZGOS MOLECULARES EN PERROS CON INFECCIÓN NATURAL DE *Ehrlichia canis* ANTES Y DESPUÉS DEL TRATAMIENTO CON DOXICICLINA

Beristain Ruiz D M, Figueroa Millán J V, Reyes Valenzuela Y, Quezada Casasola A, Lira Amaya J J, Pérez Casio F y Rodríguez Alarcón C A

Departamento de Ciencias Veterinarias UACJ-ICB; Centro Nacional de Investigaciones Disciplinarias en Parasitología Veterinaria del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícola y Pecuarias.

La erliquiosis monocítica canina (EMC) es una enfermedad transmitida por la mordedura de la garrapata café del perro (*Rhipicephalus sanguineus*) y ocasionada por la rickettsia *Ehrlichia canis*. Esta enfermedad tiene una distribución mundial asociada a la presencia del vector. El objetivo del presente trabajo fue identificar las alteraciones moleculares en pacientes con infección natural con *E. canis* antes y después del tratamiento con doxiciclina. Se incluyeron un total de 50 perros de diferente sexo, edad y raza los cuales tuvieron un diagnóstico positivo de *E. canis* con una prueba comercial de ELISA y que presentaban signos clínicos compatibles con la enfermedad, que fueron atendidos en el Hospital Veterinario Universitario de la UACJ. En todos los casos se tomó una muestra de sangre antes de iniciar el tratamiento con doxiciclina y otra una vez concluido el mismo para realizar el diagnóstico por PCR de *E. canis*. De los 50 perros positivos a *E. canis* en ELISA antes del tratamiento, solo siete fueron positivos a este patógeno en el análisis de PCR en sangre. Después del tratamiento diez perros fueron positivos a *E. canis* en el PCR, de los cuales cuatro lo habían sido también antes del tratamiento, mientras que en los otros tres perros positivos antes del tratamiento tuvieron un resultado negativo post-tratamiento. Cabe destacar que los seis perros que obtuvieron resultado negativo antes del tratamiento fueron positivos una vez terminado el mismo. Esto podría deberse a que al momento de realizar el primer PCR la ricketsemia no fue lo suficientemente alta para ser detectada por este análisis, ya que se ha descrito que en las fases crónicas de la EMC esta rickettsia se encuentra principalmente en órganos blanco como son el bazo, hígado y médula ósea. Adicionalmente, el resultado positivo en PCR, antes y después del tratamiento, en cuatro perros, pudiera deberse a lo que ya han descrito otros autores como una resistencia natural de *E. canis* contra la doxiciclina.

El presente trabajo fue financiado con fondos PRODEP.

PERFIL PLASMÍDICO DE CEPAS DE *Pseudomonas aeruginosa* AISLADAS DE UN PACIENTE NOSOCOMIAL, EN EL ESTUDIO DE LA COLONIZACIÓN MÚLTIPLE BACTERIANA

Bencomo-Fernández A, Malpica-Calderón R E y Aguirre-Ramírez M

Departamento de Ciencias Químico Biológicas, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Anillo Envoltente del Pronaf y Estocolmo s/n, C.P.32310. Chihuahua, Ciudad Juárez.

marisela.aguirre@uacj.mx

Las infecciones nosocomiales son un problema que afecta la morbilidad y mortalidad de los individuos. *Pseudomonas aeruginosa* es el tercer patógeno bacteriano en causar infecciones intrahospitalarias. Esta bacteria tiene la capacidad de prosperar en diversos entornos, en algunos casos debido a la estimulación de la expresión del material genético extracromosomal presente en plásmidos. Los plásmidos descritos en la especie, cuyos tamaños pueden variar entre 2.3 a 500 kb, se han asociado a fenotipos como la resistencia a antibióticos, a luz ultravioleta, a metales pesados, etc. El análisis del perfil plasmídico permite determinar la presencia, variedad y tamaño aproximado de plásmidos en una cepa bacteriana; también puede estimarse el número de copias y formas topológicas de los plásmidos presentes. Por tanto, podría ser empleado como una herramienta diferencial entre cepas bacterianas; por ejemplo, en el estudio de multicolonización por cepas de una misma especie bacteriana patógena en pacientes nosocomiales. El objetivo de este proyecto es la caracterización del perfil plasmídico de siete cepas de *P. aeruginosa* aisladas de un mismo paciente. El perfil plasmídico de cepas bacterianas consiste primero en la aplicación de un método de purificación de plásmidos, en nuestro caso por lisis alcalina, y finalmente en la separación y visualización de los plásmidos extraídos, potenciales, por electroforesis en geles de agarosa. Optimizamos un método casero de lisis alcalina en cepas de *P. aeruginosa* con plásmidos conocidos. Posteriormente aplicamos el método de lisis alcalina en las siete cepas de *P. aeruginosa* aisladas de un mismo paciente, estos aislamientos provenían de tres muestras distintas (incisión de catéter, urocultivo y una herida de abdomen). Posteriormente se realizó el análisis de la presencia de plásmidos por electroforesis en geles de agarosa. Se determinó la posible presencia de plásmidos en seis cepas. A través de la migración de los productos en geles de agarosa, se identificaron cinco perfiles plasmídicos; con una y hasta tres bandas migratorias mayores a 10 kb. Estos resultados sugieren que las cepas de *P. aeruginosa* identificadas con características fenotípicas variables, también contienen un bagaje genético distinto.

ANÁLISIS DE LA EXPRESIÓN DE CUATRO GENES DE PROTEÍNAS DE CHOQUE TÉRMICO (*Hsp26*, *Hsp60*, *Hsp70*, *Hsp83*) EN *Drosophila melanogaster* (CANTON-S) EXPUESTA A 4-NQO (AVANCES)

Ramírez-Valente R, Heres-Pulido M E, Castañeda-Partida L, Santos-Cruz L F y Piedra-Ibarra E

Lab. Fisiología Vegetal y de Genética Toxicológica. Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM. Avenida de los Barrios Número 1, Colonia Los Reyes Iztacala Tlalnepantla, Estado de México, C.P. 54090.

elias_piedra_ibarra@hotmail.com

Los sistemas vivos se encuentran sujetos a la presión que genera el estrés oxidante proveniente de factores ambientales (contaminación, humo de cigarro, radiaciones ionizantes) y de las reacciones redox endógenas. Como parte de los sistemas de proteostasis celular, se encuentra la respuesta al choque térmico (HSR), dentro de la que actúan las *Heat-Shock Proteins* (HSPs), un conjunto de proteínas ubicuas, caracterizadas por estar involucradas en el tráfico de proteínas, el plegamiento de proteínas *de novo*, la asistencia en la degradación proteolítica y las modificaciones post-traduccionales en condiciones basales o bajo estrés. El objetivo del presente trabajo fue analizar la diferencia en la expresión de los genes de las HSPs bajo la influencia del 4-NQO, un promutágeno, cancerígeno y oxidante. Larvas de tercer estadio (72 ± 4 h) fueron expuestas 24 h a 4-NQO (2mM), y a los testigos positivos (cafeína 7.7mM y fenobarbital 1mM) así como a los testigos disolventes (agua milli-Q y acetona 2%). Esas larvas congeladas (-70 °C) fueron maceradas para la extracción de RNA total, el cual fue purificado y utilizado para sintetizar cDNA (oligo d-T). La expresión génica fue evaluada mediante PCR semicuantitativo, usando oligonucleótidos específicos para los genes (*Hsp26*, *Hsp60*, *Hsp70*, y *Hsp83*), en relación con los niveles de expresión de *actina42a* (testigo constitutivo). El gen *Hsp26* sólo se expresó en el testigo agua. Normalizado con la actina, el gen *Hsp60* mostró niveles de expresión de 46% en el testigo agua, de 42% con 4-NQO y 32% con cafeína. Por otro lado, la expresión de *Hsp70* fue similar en los tratamientos de agua y cafeína (~68%), pero en las muestras expuestas a 4-NQO hubo una disminución. Se detectó una mayor expresión de *Hsp83* en las larvas expuestas a cafeína (17%) por encima del nivel del gen constitutivo.

CITOCINAS PRO INFLAMATORIAS EN TEJIDO CERVICOTUERINO

Picazo-Pérez L, Vargas-Requena C L, López-Díaz J A, Salcedo-Vargas M,
Arellano-Ortiz A y Jiménez-Vega F

Laboratorio de Biotecnología. Instituto de Ciencias Biomédicas. Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Av. Plutarco Elías Calles 1210, 32310, Cd. Juárez, Chihuahua, México.

fjimenez@uacj.com

Las citocinas son proteínas que participan en la respuesta inflamatoria; se les ha descrito como el puente de conexión entre el cáncer e inflamación crónica; postulándolas como objetivos clave para el tratamiento. Esta investigación se enfocó en evaluar la expresión de citocinas pro inflamatorias en mujeres con lesiones cervicouterinas en una muestra poblacional de Ciudad Juárez. Fueron consideradas 81 mujeres que asistieron a la Clínica de Colposcopia Jurisdicción Sanitaria II, Ciudad Juárez y clasificadas acordes a su diagnóstico cervicouterino, sin lesión (n=18), lesión intraepitelial de bajo grado (LIEBG) (n=22), lesión intraepitelial de alto grado (LIEAG) (n=24) y cáncer cervicouterino (CaCu) (n=17). Para determinar la presencia de citocinas pro inflamatorias fueron colectadas muestras de tejido cervicouterino a las cuales se les extrajo RNA, seguido de la síntesis de DNA complementario (cDNA), y así, realizar la amplificación para los transcritos de interleucina (IL-) 6, IL-8, IL-10, factor de crecimiento vascular endotelial (VEGF) y factor de necrosis tumoral alfa (TNF- α) por PCR punto final. Los productos de amplificación obtenidos fueron analizados densitométricamente con el fin de obtener el índice de expresión relativa. Una vez obtenidos los datos, fueron evaluados estadísticamente a través del programa estadístico SPSS Statistic 20.0®. Los resultados obtenidos mostraron una tendencia de sobreexpresión estadísticamente significativa TNF- α ($p= 0.036$), IL-6 e IL-10 al aumentar el grado de severidad cervical; por el contrario, la expresión de IL-8 ($p=0.053$) y VEGF es reprimida a medida que avanza el daño cervical. En conclusión, la sobreexpresión de citocinas pro inflamatorias como IL-6, IL-10 y TNF- α , participan activamente en la progresión de cáncer cervicouterino. Permitiendo el uso de dichas proteínas como marcadores moleculares de proyección en pacientes que presenten lesiones intraepiteliales.

SEXADO DE ESPERMATOZOIDES EN GANADO LECHERO (Holstein) MEDIANTE MICROSCOPIA CONFOCAL Y TINCIÓN DAPI

Cortes L, Fornelli Martin del Campo L F, Muñoz J y Rivas R

Laboratorio de reproducción animal. Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Ave. Plutarco Elías Calles No. 1210. FOVISSSTE Chamizal C.P. 32310, Cd. Juárez Chihuahua.

rivas@uacj.mx

La habilidad de preseleccionar el sexo de los animales se ha convertido el principal objetivo en la industria ganadera. Actualmente, el único método efectivo para separar espermatozoides en las fracciones portadoras del cromosoma $-X$ y $-Y$ es mediante Citometría de flujo. Sin embargo, su elevado costo y baja disponibilidad en laboratorios ha fomentado la búsqueda de nuevos métodos de sexado. En este estudio se utilizaron muestras de semen de toro Holstein y se evaluó mediante microscopía confocal, las medidas morfométricas de la cabeza espermática y la diferencia relativa del contenido de DNA a través de mediciones en el tamaño del núcleo celular teñido con DAPI en semen sin sexar y semen $-X$ sexado por Citometría de flujo. Se realizó un pronóstico del sexo de los espermatozoides en una muestra no sexada, se compararon los datos entre las diferentes muestras por medio del estadístico conglomerado de K medias con el fin de diferenciar las subpoblaciones espermáticas. Los resultados muestran que mediante las mediciones del tamaño del núcleo es posible identificar el sexo del espermatozoide en una muestra de semen no sexado, siendo lo opuesto con las medidas morfométricas de la cabeza espermática.

ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN SUBESPECIES *Crotalus molossus* Y *Crotalus molossus nigrescens*

Macías-Rodríguez E F, Plenge-Tellechea L F, Martínez-Martínez A, Bojórquez-Rangel G, Gatica-Colima A B y Cruz-Pérez M S

Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, C. P. 32300, Cd. Juárez, Chihuahua, México.
Universidad Autónoma de Querétaro, C.P. 76230. Querétaro, México.

fplenge@uacj.mx

Las serpientes de cascabel se encuentran distribuidas ampliamente en México, algunas están bajo protección especial y otras amenazadas. Diversas actividades antropogénicas han disminuido sus poblaciones y probablemente su diversidad genética. En este estudio se determinó a través de marcadores ISSR, la diversidad genética en 16 organismos de *Crotalus molossus* y 15 *Crotalus molossus nigrescens* con el objetivo de evaluar su variabilidad genética y considerar la validez genética de la categoría de subespecie. Se extrajo DNA de sangre de las serpientes en tarjetas FTA y por el método Fenol-Cloroforme-Alcohol isoamílico de muestras tratadas en Master-Pure DNA Purification. Se realizaron amplificaciones utilizando marcadores microsatelitales: (ATG)₅, (CAA)₅, (AC)₈, (GAA)₅ (GAC)₅ y (CAC)₅. Se utilizaron 12.5 µl de Master MixGreen GoTaq, 2.5 µl de marcador, 3 µl de ADN y 7 µl de agua para un volumen final de 25 µl. Las condiciones de amplificación fueron: temperatura de desnaturalización de 95 °C, 1 min, seguida de 30 segundos, para alineamiento y 30 segundos a la temperatura media de cada marcador. Finalmente 60 segundos a 72 °C y durante 40 ciclos al final de los cuales se permitió una extensión final a 72 °C por 7 min. Se realizaron electroforesis en geles de agarosa, se construyeron electroforetogramas y se codificaron en sistema binario para analizarlos mediante el software GenAlex. Se logró la amplificación de 63 loci. Los valores de diversidad genética para *C. m. molossus* fueron de $I=0.233$, $He=0.162$; para *C. m. nigrescens* $I=0.206$, $He=0.206$. La distancia genética entre las subespecies fue 0.026 con una similitud de 0.974. El valor de Φ_{st} es 0.068, y 94% de la variación se observa dentro de los individuos de las poblaciones y 6% está entre las subespecies. Los resultados obtenidos muestran que ambas subpoblaciones presentan poca variabilidad genética. Existen una gran diversidad dentro de las poblaciones y poca atribuible a diferencias entre las dos subespecies lo que se pone de manifiesto por valores bajos en sus distancias. Estos datos sugieren que desde el punto de vista genético podría no ser válido la diferenciación en dos subespecies.

EVALUACIÓN DEL DAÑO GENÉTICO EN PERSONAS LABORALMENTE EXPUESTAS A PLAGUICIDAS EN LA COMUNIDAD DE SAN MIGUEL XOCHITECATITLA, TLAXCALA MÉXICO

Sánchez Alarcón J, Carrasco Mora M A, Gómez-Olivares J L, Montiel-González J M R y Valencia-Quintana R

Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Km. 10.5 Autopista Texmelucan-Tlaxcala. Red Temática de Toxicología de Plaguicidas UANayarit-CONACyT. Cuerpo Académico Ambiente y Genética UATLX-CA-223. División de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa

prvaq2004@yahoo.com.mx

En el estado de Tlaxcala, México, la actividad agrícola es de suma importancia, más de la mitad de su territorio está destinado a esta actividad. Con el fin proteger e incrementar sus cosechas utilizan grandes cantidades de plaguicidas lo cual implica un riesgo para las poblaciones laboralmente expuestas, ya que estos agentes son considerados potenciales mutágenos y capaces de producir otros cambios en el material genético, así como diversos efectos en la salud. Por tal motivo en el presente estudio, empleando el ensayo cometa, se evaluó el daño genético en personas laboralmente expuestas a mezclas complejas de plaguicidas en la comunidad de Xochitecatitla, Tlaxcala, México, debido a que en esas zonas no se han realizado estudios sobre los efectos de estos compuestos. Se obtuvieron muestras de sangre periférica de 40 personas, entre los trabajadores agrícolas, expuestos a plaguicidas y un grupo testigo, cuyas condiciones socioeconómicas fueron similares a las de los trabajadores, pero sin exposición ocupacional a estos compuestos. Se realizó el ensayo cometa en sangre completa, analizando 50 núcleos al azar por cada muestra. Se analizó el daño al DNA, determinando el porcentaje de núcleos con cometas y clasificándolos en diferentes niveles de acuerdo con la longitud de la cauda, para determinar el índice de daño total. Los resultados obtenidos muestran una correlación positiva entre la exposición laboral a plaguicidas y el daño al DNA en la comunidad, en comparación con la población sin exposición. El grupo expuesto presentó un porcentaje de 90.54% de núcleos con cometa, contrastando con el 14.57% del testigo. Por otra parte, el índice de daño total para el grupo expuesto fue de 255.61 y de 15.14 para el testigo, por lo que es importante tomar medidas de protección adecuadas para preservar la salud de trabajadores y disminuir el riesgo de daño al DNA por la exposición a plaguicidas.

Agradecimientos: Los autores reconocen al apoyo otorgado para el presente trabajo por parte de la **Red Temática de Toxicología de Plaguicidas, CONACyT clave de registro: 271775** y del Laboratorio de Antimutagénesis, Anticarcinogénesis y Antiteratogénesis. Unidad de Investigación en Genética. Laboratorio 2 planta alta UMIEZ, campus 2. FES "Zaragoza" UNAM. México D.F.

IDENTIFICACIÓN DEL SEXO CON MICROSCOPIA CONFOCAL POR MARCAJE DAPI EN HUMANOS

Ramírez-Rodríguez E J, Martín del Campo L F, Muñoz J y Rivas-Cáceres R R

Laboratorio de reproducción animal. Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Ave. Plutarco Elías Calles No. 1210. FOVISSSTE Chamizal C.P. 32310, Cd. Juárez Chihuahua¹.

al121491@alumnos.uacj.mx

El sexado de espermatozoides es un tema de amplio interés debido a que se le considera como el método más rentable en la preselección del sexo por razones médicas con el fin de evitar la transmisión de enfermedades a una próxima generación es ampliamente considerado como aceptable. Actualmente, el único método efectivo para separar espermatozoides en las fracciones portadoras del cromosoma $-X$ y $-Y$ es mediante Citometría de flujo. Sin embargo, su elevado costo y baja disponibilidad en laboratorios ha fomentado la búsqueda de nuevos métodos de sexado. En este estudio se utilizaron muestras de semen de humanos y se evaluó mediante microscopía confocal, las medidas morfométricas de la cabeza espermática y la diferencia relativa del contenido de DNA a través de mediciones en el tamaño del núcleo celular marcado con DAPI en semen sin sexar y semen $-X$ sexado por Citometría de flujo. Se realizó un pronóstico del sexo de los espermatozoides en una muestra no sexada, se compararon los datos entre las diferentes muestras por medio del estadístico conglomerado de K medias con el fin de diferenciar las subpoblaciones espermáticas. Encontrando que mediante las mediciones del tamaño del núcleo es posible identificar el sexo del espermatozoide en una muestra de semen no sexado, siendo lo opuesto con las medidas morfométricas de la cabeza espermática. En este estudio fue posible detectar la fluorescencia diferencial entre las fracciones espermáticas $-X$ y $-Y$ en espermatozoides marcados con DAPI. Mediante el análisis estadístico por conglomerado fue posible diferenciar entre las dos subpoblaciones espermáticas en una muestra no sexada; Por lo tanto, al analizar el núcleo se obtienen resultados más confiables que al medir únicamente la cabeza espermática.

INGENIERÍA TISULAR PARA LA REGENERACIÓN DE UN INJERTO TRÁQUEAL

Barrera Ramírez E, Garrido Cardona R E, Rico Escobar E, Martínez Martínez A, Plenge Tellechea L F, Vanegas Venegas E, Hernández A y Rincón R

Departamento de Ciencias de la Salud, Instituto de Ciencias Biomédicas. Servicio Cirugía Torácica, Centro Médico de Especialidades de Ciudad Juárez, ³ Colegio de Chihuahua, ⁴ Departamento de Ciencias Químico-Biológicas. Unidad de Cirugía Experimental, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Anillo envolvente Pronaf s/n Ciudad Juárez, Chihuahua.

ebarrera@uacj.mx

La ingeniería tisular ha hecho posible la regeneración de órganos para mejorar o sustituir funciones biológicas con ausencia de respuesta inmunológica. Al utilizar matrices como el soporte para células autólogas y que estas interactúen en un biorreactor que provea del medio y factores de crecimiento necesarios para la regeneración del tejido. El objetivo del proyecto es obtener matrices biológicas de tráquea y ser utilizadas como injertos en cerdos. Se utilizaron tráqueas de animales sacrificados con otro propósito y fueron sometidas a diferentes métodos para su descelularización obteniendo dos matrices, las cuales se esterilizaron y almacenaron a -80 °C. Una tráquea nativa no recibió ningún tratamiento y fue criopreservada por 6 meses. Para el proceso de regeneración se descongelaron y se tomaron muestras para su análisis histológico y mecánico. Fueron implantadas en el epiplón de la cavidad abdominal de tres cerdos Yorkshire utilizados como biorreactores, cada animal recibió diferente matriz, una tráquea desceluarizada con tritón, otra con desoxicolato y la tráquea nativa criopreservada. Después de 15 y 8 días se obtuvo el tejido regenerado de los cerdos para su evaluación mecánica e histológica. Como resultado las matrices biológicas mostraron diferentes características macroscópicas en relación al control y a la evaluación mecánica no hubo cambios significativos. Las tráqueas regeneradas presentaron evidencia de revascularización, neoformación y alteraciones mecánicas. Todos los animales sobrevivieron al experimento sin datos de inflamación, infección o deterioro de la salud. Como conclusión, se obtuvieron matrices útiles con características mecánicas similares al control. La regeneración del tejido utilizando al cerdo como biorreactor es una opción ya que mantiene la esterilidad, interacción celular y provee nutrientes y factores de crecimiento, es sencillo, factible y económico. Las alteraciones mecánicas de los injertos traqueales se deben probablemente a un tratamiento drástico en la descelularización, criopreservación o a la falta de fuerzas de cizallamiento durante el proceso.

EVALUACIÓN DEL RETINOL Y SU PARTICIPACIÓN EN LA EXPRESIÓN Y METILACIÓN DE LOS GENES *CRABP1* Y *CRABP2* EN MUJERES CON CÁNCER CERVICOUTERINO

Arellano-Ortiz A L, Díaz-Hernández C, Vargas-Requena C L, López-Díaz J A, Salcedo-Vargas M y Jiménez-Vega F

1 Departamento de Ciencias Químico-Biológicas. Instituto de Ciencias Biomédicas. Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Anillo Envolvente del Pronaf s/n, Zona Pronaf, 3231, Cd Juárez, Chih. 2 Clínica de Colposcopia, Jurisdicción Sanitaria II, Servicios de Salud de Chihuahua, Ciudad Juárez. Av. Paseo Triunfo de la República s/n, Partido Romero, Cd Juárez, Chih. 3 Unidad de Investigación Médica en Enfermedades Oncológicas, Centro Médico Nacional Siglo XXI, IMSS. Av. Cuauhtémoc 330, Col. Doctores. Delegación Cuauhtémoc, Ciudad de México.

fjimenez@uacj.mx

En este trabajo se evaluó el consumo de retinol y su relación con la expresión y metilación de los genes *CRABP1* y *CRABP2*, en 131 pacientes de la clínica de Colposcopia de la Jurisdicción Sanitaria II en Ciudad Juárez. Las pacientes se clasificaron en 4 grupos de acuerdo a su diagnóstico colposcópico: 18 sin lesión, 31 presentaron lesiones intraepiteliales escamosas de bajo grado (LIEBG), 59 de alto grado (LIEAG) y 23 con cáncer cervicouterino (CaCu). Se realizó una evaluación del estado nutricional y fue cuantificado el retinol dietario por el recordatorio de 24 horas y el sérico por HPLC. La metilación de los genes *CRABP1* y *CRABP2* fue evaluado utilizando PCR de metilación específica y para la expresión, por inmunohistoquímica y PCR en tiempo real. Los resultados mostraron una asociación entre sobrepeso/obesidad y CaCu ($p=0.008$). 68 % las pacientes tienen una subalimentación de retinol pero con concentraciones de retinol sérico en el rango normal (28-86 $\mu\text{g}/\text{dL}$), sin diferencias entre grupos tanto del retinol dietario ($p=0.453$) como sérico ($p=0.801$). La metilación de *CRABP1* se asoció significativamente al CaCu ($p<0.001$), en quienes no ingerían alcohol ($p=0.028$) y con la presencia de VPH-16 ($p=0.057$). La expresión de *CRABP1* fue significativamente elevada en pacientes con obesidad ($p=0.028$). La metilación en *CRABP2* se encontró en 17.4 % de pacientes con CaCu pero sin asociación significativa ($p=0.171$) a CaCu, y la expresión se mostró disminuida por la actividad física ($p=0.005$) y quienes presentaron historia familiar de cáncer ($p=0.018$). No se encontró relación del retinol dietario y sérico con la presencia de metilación. Concentraciones menores de 28.2 $\mu\text{g}/\text{dL}$ de retinol sérico disminuye la expresión de *CRABP1* ($p=0.017$). Factores nutricionales como obesidad y retinol sérico se asocian a una sobreexpresión de los transcritos de *CRABP1*, pero no de la proteína celular. Por lo tanto, la regulación de la expresión de *CRABP1* pudiera depender de procesos post-transcripcionales o traduccionales participes en el desarrollo del CaCu.

CARACTERIZACIÓN DE LA SUBUNIDAD KV2.1 MURINO EN UN SISTEMA DE EXPRESIÓN HETERÓLOGO

Medina-Gurrola E, Ángel-Chávez L I, Vega-Jiménez F, Pelayo-Rosa H,
Ruvalcaba-Reyes D y Acosta-Gómez E I

Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Instituto de Ciencias Biomédicas. Av. Plutarco Elías
Calles 32310, CP 32310; Ciudad Juárez, Chihuahua.

eduardo.acosta@uacj.mx

Los canales iónicos son proteínas que participan en la generación del potencial de acción y en la excitabilidad neuronal. Uno de estos canales -poco estudiado- es el canal de K^+ tipo rectificador tardío (Ikv) que está conformado principalmente por la subunidad Kv2.1. La principal limitante para su estudio individual es la poca viabilidad neuronal *in vitro* y la presencia de otros canales con propiedades similares. Por ello, el objetivo del presente trabajo fue clonar el cDNA de dicha subunidad para su posterior caracterización molecular y electrofisiológica, empleando un sistema de expresión heterólogo en células HEK293. En primera instancia se obtuvo una clona con el inserto correspondiente de la región codificante de Kv2.1 a partir de tejido cerebral de rata en el vector pcDNA3.1 y a la par fue confirmada por digestión enzimática y secuenciación, donde fue alineada bioinformáticamente con la secuencia codificante del carboxilo terminal de nuestro canal de interés. Al realizar la caracterización electrofisiológica de la corriente de K^+ tipo rectificador tardía originada a partir del constructo en un sistema de expresión heteróloga, no se registró la corriente esperada. Por lo tanto, se procedió a evaluar un constructo previamente validado por el grupo de James Trimmer con los protocolos ya establecidos en el laboratorio, donde se encontraron resultados similares a la clona obtenida, apegado a esto, al realizar la caracterización electrofisiológica se encontró que generó una corriente de K^+ tipo rectificador tardío. Posteriormente fue caracterizado para trabajar con este constructo en nuestro laboratorio evaluando la concentración del plásmido necesaria para la generación de una corriente equiparable a la neurona (0.021 ng). Por lo tanto, fue clonado y corroborado molecularmente la secuencia codificante de Kv2.1, logrando su expresión funcional y caracterización electrofisiológica con las cualidades equiparables a la corriente neuronal en comparación con otros modelos heterólogos parecidos, lo cual nos permitirá su posterior estudio de modulación peptídica en el laboratorio.

ALTERACIONES EN EL TIEMPO DE CICLO EN CÉLULAS MESENQUIMALES DE MÉDULA ÓSEA DE RATAS DESNUTRIDAS DURANTE LA LACTANCIA

Cortés-Barberena E, Vences-Hernández J, Palacios N y Ortiz-Muñiz R

Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo, Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa.

La desnutrición es aún un problema de salud pública en el mundo, y las consecuencias son devastadoras, principalmente en los niños. Es de crucial importancia estudiar los efectos de la desnutrición a nivel celular, por lo cual los modelos experimentales en animales han permitido estudiar los efectos de la desnutrición a diferentes niveles. Estudios previos han revelado diferentes alteraciones celulares en la médula ósea de organismos desnutridos. El objetivo del presente estudio fue estimar la duración del ciclo celular de células mesenquimales de médula ósea en ratas desnutridas de 21 días de edad. Se indujo la desnutrición experimental por competencia de alimento durante la lactancia en ratas de la cepa Wistar. Al día 21 se clasificó a las ratas por déficit de peso en con desnutrición moderada (DN2°) y desnutrición grave (DN3°) en comparación con las ratas bien nutridas (BN). Posteriormente, se administró a cada una intraperitonealmente, bromodesoxiuridina (BrdU) en una dosis de 1 mg/g de peso corporal. 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. Los resultados en la población total mostraron incremento en el tiempo de la fase G1 en las ratas con desnutrición (DN3°: 4.4 ± 0.5 h; DN2°: 3.9 ± 0.2 h) en comparación con el grupo de ratas BN (3.5 ± 0.03 h). El tiempo de S fue mayor en los grupos de ratas desnutridas (DN3°: 11.5 ± 1.1 h; DN2°: 11.6 ± 0.6 h; BN: 10.5 ± 0.1 h), mientras que no se observaron cambios en la fase G2. El tiempo del ciclo fue mayor ratas DN3° y DN2° en comparación a las BN (DN3°: 17.8 ± 0.8 h; DN2°: 17.4 ± 0.4 h; BN: 15.8 ± 0.1 h). En cuanto a las células mesenquimales, se observó incremento en el tiempo del ciclo celular en ambos grupos de ratas desnutridas (DN3°: 18.5 ± 1.7 h; DN2°: 17.4 ± 0.4 h; BN: 16.6 ± 0.5 h), y la fase más afectada fue la G1. Además, el grupo de ratas DN3° mostró aumento del tiempo de la fase S. Los datos complementan resultados previos, en los que se observó una menor proliferación de células de la médula ósea.

ANÁLISIS GENÓMICO EN LA IDENTIFICACIÓN DE LA SUSCEPTIBILIDAD DE CARIES DENTAL

Santiago-Jiménez J C y Godínez-Aguilar R

Posgrado de Ciencias Genómicas. Laboratorio de Genómica y Proteómica. Universidad Autónoma de la Ciudad de México. Hospital Juárez de México. Calle San Lorenzo 290, Benito Juárez, Col. Del Valle Sur, 03100 Ciudad de México, D.F.,

jucasaji@gmail.com

La caries dental (CIE 10 K02 Caries dental) es una enfermedad infecciosa oral multifactorial que provoca la destrucción de los órganos dentarios, la cual puede ser detenida en sus primeras etapas. Se han definido múltiples factores de riesgo en el proceso de aparición y desarrollo de caries, como el alto consumo en la dieta de hidratos de carbono, capacidad de amortiguamiento de la saliva, falta de higiene bucal e incluso se ha relacionado con factores genéticos y la presencia de ciertas patologías crónicas como el asma y obesidad entre otras. Reportes de la organización mundial de la salud (OMS) calculan que aproximadamente 2430 millones de personas tienen caries dental en los dientes permanentes, representando 36% de la población mundial. En años recientes se han reportado diversos genes que posiblemente estén relacionados con la caries dental, sin embargo, estos reportes se han dado de manera aislada y no se ha realizado un análisis genómico que muestre una correlación significativa, por ello nos propusimos realizar una investigación con un enfoque genómico para identificar un conjunto de genes potenciales relacionados, tanto de factores predisponentes, como de factores protectores. Se realizó un análisis *in silico* mediante algoritmos bioinformáticos basado en minería de datos automatizada en la base de datos del Centro Nacional de Información sobre Biotecnología (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) de genes candidatos implicados en el desarrollo de caries dental, aquellos que codifican para proteínas que participan en la formación del esmalte dental, factores de protección presentes en la saliva y genes implicados en la respuesta inmune del huésped, así como el número de mutaciones de sentido equivocado SNP (Polimorfismo de Nucleótido Simple), se validaron mediante FunRich (<http://funrich.org/>) demostrando que existe una alta correlación con el fenotipo clínico de caries dental. Se identificaron 16 genes candidatos a ser marcadores de riesgo de caries. Las mutaciones pueden ser de relevancia ya que la proteína traducida de estas variantes pudiera tener cambios en su conformación, actividad y/o funcionalidad. Los cambios genéticos que se puedan encontrar en estos genes también pueden sugerir posibles interacciones dinámicas entre múltiples proteínas que nos arrojarían la variabilidad fenotípica en la historia natural de la caries dental.

Índice de autores

A

Acosta-Gómez E. I.	43
Aguilar-Santamaría M. A.	30
Aguirre-Ramírez M.	34
Aguirre-Reyes L. G.	22
Alderete Torres, L. C.	16
Altamirano-Lozano M. A.	19
Álvarez-Barrera L.	19
Álvarez González, I.	3
Ángel-Chávez L. I.	43
Aquino Carreño, A.	12
Araujo Monsalvo, V.	3
Arellano Ortiz, A. L.	13, 16, 36, 42
Arenas Huertero, F.	15

B

Barraza-Garza G.	27
Barrera Ramírez E.	41
Bastarrachea Q.	20
Bencomo-Fernández A.	34
Beristain Ruiz D. M.	31, 32, 33
Bernal Dagda R.	24
Bojórquez-Rangel, G.	18, 20, 38
Borja Rodríguez, L.	1
Burrola De Anda J.	17, 21

C

Cano Martínez S.	2
Carrasco Mora M. A.	39
Castañeda-Breceda I. L.	23
Castañeda-Partida L.	35
Castañeda-Sortibrán A. N.	25, 26, 29
Castillo-Olguín E.	28
Cauch-Rodríguez J. V.	30

Cera Hurtado O. S.	31
Cervantes Hernández I.	3
Corona Hernández L.	2
Coronado-Ramírez C. K.	24
Cortes L.	37
Cortés-Barberena E.	44
Cortes Eslava J.	15
Cruz-Galindo A. K.	25
Cruz-Pérez M. S.	38

D

Dávalos-de la Cruz K. V.	30
De la Mora Covarrubias A.	5, 12
De la Rosa Carrillo L	14
Díaz Hernández C.	42
Díaz-Sánchez A G.	22, 23, 24
Domínguez Hernández V.	3
Dueñas García I. E.	4, 6, 7, 8, 9
Durán Díaz Á.	4, 9

F

Figueroa Millán J. V.	31, 32, 33
Flores-Loyola C. M.	29
Flores Mondragón, G.	3
Flores Pérez A.	11
Franco Bourland R.	3

G

García-Bañuelos M. L.	1
Garrido Cardona R. E.	41
Gatica-Colima A.	27, 38
Godínez-Aguilar R.	45
Gómez-Arroyo S.	15
Gómez-Loza, B	4, 9, 15
Gómez-Olivares J. L.	39
González Aguilar G.	14
González-Chávez S. A.	17, 21
González-Domínguez S.	18
González Fernández R.	5, 22
Grutter M. M.	15

H

Heres Pulido M. E.	4, 6, 7, 8, 9, 35
Hernández Campos N.	3
Hernández-Portilla L. B	9
Herrera López B	3

J

Jiménez Flores J. R.	7
Jiménez Vega F.	12, 13, 14, 16, 36, 42

L

Lira Amaya J. J.	31, 32, 33
Lobo-Galo N.	22
López Camarillo C.	11
López Díaz J. A.	12, 13, 14, 16, 36, 42
Loza Gómez P.	15
Luna Flores B. S.	16

M

Macías-Rodríguez E. F.	38
Madrigal Bujaidar E.	3
Malpica-Calderón R. E.	34
Mateos-Nava R. A.	19
Marchat Annie L.	11
Martínez Coria E.	3
Martínez-Martínez A.	22, 23, 24, 38, 41
Martínez Martínez V.	26
Medina-Gurrola E.	43
Medina-Hernández A.	30
Meléndez-Martínez D. L.	27
Montenegro Vázquez V. F.	12
Montiel-González J. M. R.	39
Morales Barrón B. M.	5
Muñoz J. M.	27

N

Nava Vargas L. A.	2
Nevárez Moorillón V.	5

O

Olivares Muñoz A.	31
Ordaz-Téllez M. G.	25
Ordoñez López S.	33
Orozpe-Olevera J. A.	22
Ortiz-Muñiz R.	44

P

Pacheco-Tena C.	17, 21
Palacios N.	44
Paniagua Pérez R.	3
Pelayo Benavides H. R.	14, 43
Pérez Casio F.	33
Picazo Pérez L.	13, 36
Piedra Ibarra E.	6, 7, 8, 35
Plenge-Tellechea L. F.	27, 38, 41
Ponciano Gómez J. A.	7, 8
Prospero-Ponce D. L.	27

Q

Quezada Casasola A.	31, 32, 33
Quiñonez-Flores C. M.	17, 21
Quiñonez Martínez M.	5

R

Ramírez Cruz B. G.	6, 8, 9
Ramírez Pérez S. A.	6
Ramírez-Rodríguez E. J.	40
Ramírez-Valente R.	35
Rentería García J.	15
Reyes Valenzuela Y.	33
Rico Escobar E.	41
Rincón R.	41
Rivas-Cáceres R.	37, 40
Rivera Barreno R.	31
Rivera Figueroa C. H.	1
Rodríguez Alarcón C. A.	31, 32, 33
Rodríguez-Arnaiz R.	25, 26, 29
Rodríguez Cuevas S.	11
Rodríguez-Mercado J. J.	19

Romero A.	16
Romero Bejarano A.	14
Ruvalcaba-Reyes D.	43

S

Salceda V. M.	10
Salcedo Vargas M.	13, 36, 42
Salomé García M.	9
Sánchez Alarcón J.	39
Santiago-Jiménez J. C.	45
Santos Cruz L. F.	4, 6, 7, 8, 9, 35
Sigríst Flores S. C.	7

T

Torres Gregorio J. T.	7, 8
-----------------------	------

U

Uribe-Alcocer M.	28
------------------	----

V

Valencia-Quintana R.	39
Valero Galván J.	5, 18, 23
Vanegas Venegas E.	41
Vargas Requena C. L.	12, 13, 16, 36, 42
Vázquez González F. J.	5
Vázquez-Mayorga E.	24
Vega-Jiménez F.	43
Velasco Mora O.	3
Vences-Hernández J.	44

