

REVista INTERNacional de
CONTAMinación
AMBIEntal

volumen 34, 2018

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

MEMORIAS

CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2018

EN MEMORIA DEL
DR. RAFAEL VILLALOBOS PIETRINI
1936 - 2018

SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA

Editores

JUANA SÁNCHEZ-ALARCÓN
EDITH CORTÉS-BARBERENA
RAFAEL VALENCIA-QUINTANA

DOI: 10.20937/RICA.2018.34.MSMG2



REVista INTERNacional de
CONTAMinación
AMBIEntal

volumen 34, 2018

ISSN – 0188 4999

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

MEMORIAS

CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2018

EN MEMORIA DEL
DR. RAFAEL VILLALOBOS PIETRINI
1936 -2018

Índice

	Página
Mesa directiva Sociedad Mexicana de Genética 2017-2019	i
Autoridades del CIIDIR Durango	ii
Comité científico	iii
Comités organizadores	iv
Agradecimientos	vi
Índice de autores	vii
Índice de instituciones participantes	xv
Índice de entidades y países participantes	xxiii
Índice de trabajos por título	xxiv
Resúmenes	1

MESA DIRECTIVA SMG 2017-2019

Dra. Edith Cortés Barberena

Universidad Autónoma Metropolitana - Iztapalapa
Presidente

M En C. Irma Elena Dueñas García

Facultad de Estudios Superiores Iztacala - UNAM
Vicepresidente

M. en C.A. Juana Sánchez Alarcón

Universidad Autónoma de Tlaxcala
Secretaria

Dr. Pedro Rafael Valencia Quintana

Universidad Autónoma de Tlaxcala
Tesorero

Dra. Verónica Loera Castañeda

Instituto Politécnico Nacional CIIDIR Durango
Vocal

Dr. Rodrigo Aníbal Mateos Nava

FES-Zaragoza UNAM
Vocal

Dra. Julieta Castillo Cadena

Universidad Autónoma del Estado de México
Vocal

Instituto Politécnico Nacional CIIDIR Durango

Dr. Eduardo Sánchez Ortiz
Director

Dra. Erika Cassio Madrazo
Subdirectora Académica y de Investigación

M.C. Néstor Naranjo Jiménez
Subdirector de Servicios Educativos e Integración Social

M.A. Agustín Angel Meré Rementería
Subdirector Administrativo

M.C. César Israel Hernández Ramírez
Departamento de Investigación y Desarrollo Tecnológico

Lic. Denise Martínez Espino
Unidad Politécnica de Integración Social

M.C. Amelia Quezada Díaz
Departamento de Posgrado

M.E. Claudia Elia Soto Pedroza
Unidad de Tecnología Educativa y Campus Virtual

M.C. Mayra Edith Burciaga Siqueiros
Departamento de Servicios Educativos

M.A.P. Diana Carolina Alanís Bañuelos
Departamento de Recursos Financieros

Lic. Sara Silva Haro
Departamento de Capital Humano

Ing. Adán Villarreal Márquez
Coordinación de Enlace y Gestión Técnica

Ing. Victor Daniel Ríos García
Unidad de Informática

COMITÉ CIENTÍFICO

DRA. Edith Cortés BarVerena

Universidad Autónoma Metropolitana

PRESIDENTE

M. Yb C. Ji UbU Sz bW Yn A`UfVIB

Universidad Autónoma de Tlaxcala

DR. Rafael Valencia Quintana

Universidad Autónoma de Tlaxcala

CA Desnutrición y Citometría de Flujo

UAM-I-12

CA Ambiente y Genética

UATLX-CA-223

Dra. Verónica Loera Castañeda

Instituto Politécnico Nacional CIIDR- Durango

M. en C. Irma Elena Dueñas

FES-Iztacala UNAM

Dr. Rodrigo Aníbal Mateos Nava

FES-Zaragoza UNAM

Dra. Julieta Castillo Cadena

Universidad Autónoma del Estado de México

COMITÉS ORGANIZADORES

CA Desnutrición y Citometría de Flujo
UAM-I-12

CA Ambiente y Genética
UATLX-CA-223

POR LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA

Dra. Edith Cortés Barberena
Presidente del Comité Organizador

Dra. Verónica Loera Castañeda

M. en C.A. Juana Sánchez Alarcón

Dr. Pedro Rafael Valencia Quintana

M. en C. Irma Elena Dueñas García

Dra. Julieta Castillo Cadena

COMITÉ ORGANIZADOR POR EL Instituto Politécnico Nacional CIIDIR-Durango

Dr. Ismael Lares Assef

Dr. Ignacio Villanueva Fierro

Dr. Eduardo Sánchez Oríz

Dra Erika Cassio Madrazo

M. en C. Néstor Naranjo Jiménez

M.A. Agustín Meré Rementería

Lic. Denise Martínez Espino

M.E. Claudia Elia Soto Pedroza

Dra. Verónica Loera Castañeda

COMITÉ ORGANIZADOR POR LA Facultad de Medicina y Nutrición UJED

Dr. Antonio Sifuentes Álvarez

AGRADECIMIENTOS

LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA AGRADECE EL APOYO OTORGADO POR

**La División de Ciencias Biológicas y de la Salud de
Universidad Autónoma Metropolitana, Iztapalapa**

Intituto Politecnico Nacional - CIIDIR Durango

**REVista INTERNacional de
CONTAMinación
AMBIEntal**

Estudios Yevco

Índice de autores

AUTOR	PÁGINA
A	
Agostini J	63
Aguilar Santamaría MA	58
Aguilar-Niño M	19
Aguirre Castañeda LA	11
Alagón-Cano A	32
Álarcon Romero LC	55
Alejandro Iturbide G	8
Altamirano Lozano MA	37, 49
Alvarado-Retana KM	20
Álvarez Barrera L	37, 49
Álvarez-González I	32
Amador-Muñoz O	39
Amaya-Chávez A	14
Anguiano Vega GA	70
Antuna-Salcido EI	20, 22
Arenas-Sánchez H	64, 67, 69
Arias MC	63
Arias-Carrión O	6, 12
Ascencio-Gorozpe D	19
Astorga Ramos AM	50
Azamar Ávila AD	57
B	
Babu R	23
Barbier OC	47
Barrasa Salas M	5, 12
Bastida Ramírez L	11
Betancourt Nájera CA	38
Bojórquez Rangel G	38
Bonassi S	66
Bonilla Sánchez R	60
Brussolo-Ceballos RM	28
Burciaga-Nava JA	62
C	
Cáceres-Martínez C	24
Calleros-Rincón EY	40, 52
Camacho-Luis A	62

AUTOR	PÁGINA
Campos-Díaz A	33
Carballo-Gómez O	30
Cárdenas De la cruz M J	5
Carmona-Alvarado C	43
Carrasco-Urrutia V	38
Castañeda-Sortibrán AN	19, 21
Castellanos-Juárez FX	6, 12, 18, 20, 22
Castillo Cadena J	11, 33
Castillo-González F	23
Castro Flores A	47
Celis-Porras J	53
Cervantes Flores M	35
Cervantes Ríos E	57
Cervantes-Santos DM	32
Contreras-Delgadillo CU	34
Correa- Sandoval A	13
Cortés Barberena E	51
Cortés-Angoa R	65
Cortés-Eslava J	30, 31, 39, 66, 68
Corvera-Aispuro CE	41, 45
Cruces Martínez M	16
Cruces MP	14, 15
Cruz Del Castillo GA	37
Cruz Islas J	58
Cruz-Gómez A	2
Cruz-López M	55
D	
Delgadillo Guzmán D	41, 44, 45, 46, 47
Díaz Barriga-Arceo S	17, 60
Díaz-Jaimes P	48, 59
Diosdado Martínez A	39
Domínguez-Mendoza CA	48
Dorantes Gómez L	11
Duarte-Sustaita J	18
Dueñas-García IE	34, 43
Durán-Díaz Á	34, 43
E	
Espinoza Velázquez J	56
Esquivel Sánchez JA	11

AUTOR	PÁGINA
Esquivel-Rodríguez E	18
Estrada-Guzmán JC	43
F	
Fernández MG	63
Flores Márquez AR	30
Flores-Alfaro E	54, 55
Flores-Gracia J	13
Flores-Loyola CM	19
Flores-Márquez AR	31, 39, 66, 68
Francisco-Aguilar DG	54
Françoso E	63
G	
Galaviz Hernández C	35
Gandarilla-Esparza DD	52
García Arenas G	44
García Garza R	46
García Rodríguez MC	51
García-Magallanes N	4
García-Melo LF	32
García-Pérez LV	54
García-Torres E	40
García-Vargas G	18
García-Zavala JJ	23
Gaytán Oyarzún JC	36
Gaytán-Esparza A	22
Gómez-Arroyo S	30, 31, 39, 66
Gómez-Olivares JL	64, 65, 66, 67, 68, 69
Gómez-Zamudio J	55
González Galarza FF	47
González Gutiérrez AM	51
González-Herrera E	16
González-Romero Á	3
González-Zamora A	52
Grada-Yautentzi JAR	69
Graniel Guerrero J	57
Gregorio Jorge J	64
Guerrero Sánchez EA	35
Guijarro-Bustillos J	22
Gutiérrez-Nájera TM	62

AUTOR	PÁGINA
H	
Heres-Pulido ME	34, 43
Hernández Acevedo A	39
Hernández Álvarez BS	27
Hernández Calderón ML	60
Hernández Diego JC	60
Hernández Marín A	9
Hernández Valencia CG	58
Hernández-Caballero A	49
Hernández-Calderón MLL	17
Hernández-Hernández A	69
Hernández-Montes G	61
Hernández-Rodríguez M	23
Horta VR	28
Horta-Vega JH	28
Hueletl Soto ME	29, 65, 66, 67, 69
Huerta Beristain G	55
Hurtado-Sánchez Q	33
I	
Ibáñez Aguirre AL	26
Ibarra-Mendoza B	4
J	
Jiménez Vega E	14
L	
La Llave-León O	6, 18, 20, 22
Lares Asseff I	35, 53, 62
Lazalde Ramos BP	35
Leshner Gordillo JM	9, 10
Lima Villeda GA	60
Lobato-Ortíz R	23
Loera-Castañeda V	53, 62
Lomonte-Vigliotti B	32
López Aparicio L	46
López-Durán RM	64, 68, 69

AUTOR	PÁGINA
M	
Machain-Williams C	61
Madrigal-Bujaidar E	32
Maldonado-Delgado S	68
Mar-Silva AF	59
Martínez-Mendoza N	17
Martins M	23
Mateos Nava RA	37, 49
Mejía Pérez L	57
Mejía Sánchez F	11
Meléndez Valenzuela A	41
Mello Cerato B	63, 67
Méndez Hernández EM	5, 6, 12, 18, 20, 22
Milic M	66
Minor-Caballero AE	64
Montenegro-Morales LP	33
Montiel González JMR	65, 67
Morales-Madrigal LM	40, 52
Moreno-Santillán D	2, 61
Muñoz Yañez C	50
Muñoz-Nava H	69
N	
Nava Serrano S	27
O	
Ochoa-Ocaña MA	66
Olivares Eslava M	26
Olivas Calderón EH	40, 70
Olivas Linares OL	5
Olivera Gómez LD	9, 10
Orta Estrada RA	11
Ortega Sánchez ME	60
Ortega-García AL	29
Ortega-Hernández G	32
Ortega-Reyes J	61
Ortiz Muñiz AR	51, 57
Ortiz Muñiz R	57
P	
Pablo-Cahua JA	54

AUTOR	PÁGINA
Palacios-Rojas N	23
Palomar-Morales M	34
Paredes-Arriaga A	21
Parrilla-Virrey G	44
Pérez Morales R	50, 70
Pérez Sánchez M	64
Pérez-Flores GA	29
Pérez-Gavilán Ceniceros JA	6
Pérez-González LC	29
Pérez-Morales R	18, 40, 42, 52,
Pérez-Sánchez M	67
Pérez-Zempoalteca Y	65
Petrosyan P	42
Piedra-Ibarra E	2, 34
Pimentel E	14, 15
Pimentel Peñaloza E	16
Pineda-Cruces RN	32
Ponciano-Gómez JA	34
Prasanna BM	23
Pulido Flores G	36
Pulido González AS	50
Q	
Quintanar-Escorza MA	45
Quiñones-Canales G	6
R	
Ramos Rosales DF	5
Ramos-Deloya XN	54
Reséndiz-Abarca CA	54, 55
Reyes Cerón A	65, 69
Reyes-Romero MA	3
Rincones-Monárrez D	3
Ríos-Sánchez E	42
Roblero Muñoz EG	56
Rocha Sánchez CA	31
Rodríguez Cruz L	57
Rodríguez Herrera R	56
Rodríguez Mercado JJ	37, 49
Rodríguez-Arnaiz R	19
Rodríguez-Varela AC	2

AUTOR	PÁGINA
Rojas López M	8
Romo-Martínez EJ	4
Ruano-Calderón LA	6
Rubio Lightburn J	42
Ruiz Baca E	70
Ruiz Narváez LI	25
Ruiz-Martínez MM	53
S	
Salas-Leal AC	6
Salas-Pacheco JM	5, 6, 12, 18, 20, 22
Salas-Pacheco SM	20
Salvador-Moysen J	18
Salvador-Muñoz A	29
Sánchez Nava P	16
Sánchez Olivares MA	36
Sánchez-Alarcón J	29, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69
Sánchez-Díaz DD	54
Sánchez-Meza JC	15
Sandoval-Carrillo A	6, 18, 20, 22
Santacruz-Varela A	23
Santillán Sidón AP	70
Santos-Cruz LF	34, 43
Segoviano Mendoza MA	12
Sharara Núñez AI	46, 47
Shirai Matsumoto K	58
Sierra-Puente RE	3
Skinner DJ	23
Sobrino-Figueroa A	24, 25, 26, 27
Sosa Macías M	35
Suárez Bonilla L	57
Suárez-Sánchez J	69
T	
Tapia-Aguirre F	1
Tapia-Pastrana F	1
Tenorio-Arvide MG	64, 68
Torres Tapia A	56
Torres-Torres JC	13
Torres-Valenzuela A	53

AUTOR	PÁGINA
U	
Uribe-Alcocer M	48, 59
V	
Valdés Marín A	10
Valdes-Arellanes MT	32
Valdez-López SM	4
Valencia-Quintana R	29, 30, 31, 39, 64, 65, 66, 67, 68, 69
Valera Pérez MA	64, 68
Valladares-Salgado A	55
Vallejo-Cruz FJ	2
Valtierra-López LM	53
Vázquez Boucard C	70
Vázquez-López HG	21
Velázquez-Ulloa N	43
Vergara-Aragón CF	68
Victor M Salceda	7
Vidal LM	15
Villanueva Fierro I	53, 62
W	
Wacher-Rodante NAH	55
Wallander Compeán L	8
Y	
Yunbi Xu	23
Z	
Zambrano-Zaragoza JF	4
Zanella FC	63

Índice de instituciones participantes

DEPENDENCIA

PÁGINA

A

Academia de Genómica Aplicada, Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR Unidad Durango	53
Área Académica de Biología del Instituto de Ciencias Básica e Ingeniería	36

C

CA UATLX-CA-223 Ambiente y Genética, UATx, México	29, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69
Carrera de Biología, Facultad de Estudios Superiores Iztacala UNAM	34
Centro de Investigación en Ciencias Médicas, Universidad Autónoma del Estado de México	33
Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste SC	70
Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), México	23
Ciências Biológicas, ILACVN, Universidade Federal da Integração Latino-Americana – UNILA, Brasil	63, 67
CIIDIR-IPN Unidad Durango	8, 62
Clínica de Medicina Familiar ISSSTE Durango	53
Colegio de Postgraduados, Genética, Campus Montecillo	23
Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología - Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada (CIBA-IPN)	64
Coordinación de Hospitalización, Hospital Pediátrico Iztapalapa, Gobierno de la Ciudad de México	57

DEPENDENCIA

PÁGINA

Coordinadora del Programa de Manejo Integral de la Obesidad, Hospital Pediátrico Iztapalapa, Gobierno de la Ciudad de México	57
Cuerpo Académico de Ciencias Morfológicas, Facultad de Medicina UT, Universidad Autónoma de Coahuila	46

D

Departamento de Farmacología, Facultad de Medicina UT, Universidad Autónoma de Coahuila	45
Departamento de Biología del Lewis & Clark College, Portland, Oregon, EE.UU	43
Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares	7, 14, 15, 16
Departamento de Bioquímica, Facultad de Medicina y Nutrición, Universidad Juárez del Estado de Durango	45, 62
Departamento de Biotecnología, UAMI	58
Departamento de Ciencias de la Salud, División de Ciencias Biológicas y de la Salud. UAM-I, México	58, 64, 65, 66, 67, 68, 69
Departamento de Farmacología, Universidad Autónoma de Coahuila, Unidad Torreón	44
Departamento de Fitomejoramiento, Programa de Maestría en Ciencias en Fitomejoramiento, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro	56
Departamento de Genética e Biología Evolutiva, Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo	63
Departamento de Investigación en Ciencias Agrícolas, Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla	64, 68
Departamento de Investigación, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Juárez del Estado de Durango	44
Departamento de Zoología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional	61

DEPENDENCIA

PÁGINA

Departamentos de Medicina y Nutrición Molecular de la Facultad de Medicina y Nutrición de la UJED	3
Dirección de Acreditación, Certificación y Calidad de Facultades y Escuelas de Medicina de la Universidad Autónoma de Durango	53
División Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco	9, 10
Doctorado en Biotecnología IPN CIIDIR Unidad Durango	8
Doctorado en Desarrollo Regional, Colegio de Tlaxcala	68

E

Escuela Nacional Preparatoria No. 8 "Miguel E. Schultz", Universidad Nacional Autónoma de México	31
--	----

F

Facultad de Ciencias Químicas, Campus Durango UJED	5, 12
Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Coahuila	56
Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Juárez del Estado de Durango	5, 12, 18, 42, 70
Facultad de Enfermería y Obstetricia Universidad Juárez del Estado de Durango	18
Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México	1
Facultad de Medicina y Nutrición, UJED	12
Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de México	33
Facultad de Microbiología, Universidad de Costa Rica	32
Facultad de Psicología y Terapia de la Comunicación Humana, UJED	5
Facultad de Química, Universidad Autónoma del Estado de México	11, 14, 15

DEPENDENCIA

PÁGINA

H

HGZ No. 16, Instituto Mexicano del Seguro Social, Torreón, Coah.	41
Hopital Regional de Alta Especialidad Ixtapaluca	5
Hospital General de Durango	6, 22
Hospital General de Zona No. 16, Instituto Mexicano del Seguro Social, Torreón, Coah.	45
Hospital General Dr.Manuel Gea González, Ciudad de México	6, 12
Hospital General Santiago Ramòn y Cajal- ISSSTE, Durango, Dgo.	6
Hospital Regional de Alta Especialidad de Ixtapaluca	12

I

Instituto de Biotecnología de la Universidad Nacional Autónoma de México	32
Instituto de Ciencias Nucleares, Universidad Nacional Autónoma de México	21
Instituto de Investigación Científica "Dr. Roberto Rivera Damm", UJED	5, 6, 12, 18, 20, 22
Instituto de Investigaciones Biomédicas. Universidad Nacional Autónoma de México	42
Instituto Politécnico Nacional CIBA Tlaxcala	8
Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria, Tamaulipas	28
Instituto Tecnológico de Durango, México	53

L

Laboratorio "Rafael Villalobos Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala	29, 30, 31, 39, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69
Laboratorio Alejandro Villalobos, Departamento de Hidrobiología, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa	24, 25, 26, 27
Laboratorio de Análisis Clínicos, Hospital Pediátrico Iztapalapa, Gobierno de la Ciudad de México	57

DEPENDENCIA	PÁGINA
Laboratorio de Arbovirología, Universidad Autónoma de Yucatán	61
Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa	51, 57
Laboratorio de Biología Celular y Genética, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez	38
Laboratorio de Biología Celular y Molecular, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Juárez del Estado de Durango	40, 50, 52
Laboratorio de Biología Evolutiva, Facultad de Ciencias Biológicas, UJED	52
Laboratorio de Biología Molecular, CIIDIR Unidad Durango, IPN	35
Laboratorio de Biología Molecular, Laboratorio Estatal de Salud Pública de Tamaulipas	28
Laboratorio de Citogenética Humana, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, Campo 1	17
Laboratorio de Ecofisiología y Biología pesquera, Departamento de Hidrobiología, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa	26
Laboratorio de Ecología de Peces, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, México	2
Laboratorio de Farmacología, Facultad de Medicina UT, Universidad Autónoma de Coahuila	41, 46, 47
Laboratorio de Ficología aplicada, Departamento de Hidrobiología, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa	27
Laboratorio de Fisiología Vegetal, Unidad de Biotecnología y Prototipos, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, México	2
Laboratorio de Ginecología, División de Estudios de Posgrado e Investigación, Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Universidad Nacional Autónoma de México	1

DEPENDENCIA	PÁGINA
Laboratorio de Genética de Organismos Acuáticos, Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, UNAM	59
Laboratorio de Genética Evolutiva y Ambiental, AAB-UAEH	36
Laboratorio de Genética Toxicológica, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM	43
Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias. UNAM	19
Laboratorio de Genética, Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias, UNAM	21
Laboratorio de Genética, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional	32
Laboratorio de Genética, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán	60
Laboratorio de Genotoxicología y Mutagénesis Ambientales, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México	30, 31, 39, 66, 68
Laboratorio de Inmunología, FCQ – UJED	35
Laboratorio de Investigación en Epidemiología Clínica y Molecular de la Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Universidad Autónoma de Guerrero	54, 55
Laboratorio de investigación, Facultad de Ciencias de la Salud, UJED	50
Laboratorio de Matemáticas, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM	43
Laboratorio de Nanotecnología e Ingeniería Molecular, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa	32
Laboratorio de Parasitología Animal, AAB-UAEH	36
Laboratorio de Toxicología Renal, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del I.P.N. Unidad Zacatenco	47
Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala	29, 64, 65, 66, 67, 68, 69

DEPENDENCIA

PÁGINA

Licenciatura en Ciencias Ambientales,
Facultad de Agrobiología, Universidad
Autónoma de Tlaxcala 69

Licenciatura en Naturopatía, Facultad de
Agrobiología, Universidad Autónoma de
Tlaxcala 29

M

Maestría en Ciencias Biológicas, CTBC,
Universidad Autónoma de Tlaxcala, 64, 67

Max-Planck-Institut für Molekulare
Pflanzenphysiologie, Germany 23

Mutagenesis Unit, Institute for Medical
Research and Occupational Health, Zagreb,
Croatia 66

P

Posgrado en Biología Experimental, UAM-
Iztapalapa 51

Posgrado en Ciencias del Mar y Limnología,
Laboratorio de Genética de Organismos
Acuáticos, Instituto de Ciencias del Mar y
Limnología, UNAM 48, 59

Programa de Maestría en Biología
Molecular, FCQ – UJED 35

Programa de Pós-Graduação em
Biodiversidade Neotropical – UNILA 63

R

Red de Apoyo a la Investigación,
Universidad Nacional Autónoma de México 61

Red de investigación sobre la cuenca del río
Balsas 64, 68, 69

Red Temática de Toxicología de Plaguicidas
CONACyT-UANayarit 65, 66, 67

Red Temática Gestión de la Calidad y
Disponibilidad del Agua CONACyT-UTIM 64, 68, 69

S

SAVED Instituto de Ciencia, Investigación,
Genética y Metabolismo de Durango 53

DEPENDENCIA

PÁGINA

U

Unidad Académica de Ciencias Químicas, UAZ	35
Unidad Académica de Estudios Regionales, Coordinación de Humanidades, UNAM	66
Unidad de Investigación en Bioquímica Centro Médico Hospital Siglo XXI	55
Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN), Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, UNAM	37, 49, 51
Unidad Médica Atención Ambulatoria N° 53, IMSS	50
Unit of Clinical and Molecular Epidemiology, IRCCS San Raffaele Pisana, Rome, Italy	66
Universidad Autónoma de Baja California Sur	24
Universidad Autónoma de Durango	53
Universidad Autónoma del Estado de México	11, 16
Universidad Politécnica de Sinaloa. Programa de Maestría en Ciencias Aplicadas. Mazatlán, Sinaloa	4

Índice de entidades y países participantes

DEPENDENCIAS

Página

Países

Alemania	23
Brasil	63, 67
Costa Rica	32
Croacia	66
EE.UU	43
Italia	66

Entidades

México, Baja California Sur	24 1, 6, 12, 19, 21, 24, 25, 26, 27, 30, 31, 32, 37, 39, 42, 47, 48, 49, 51, 55, 57, 58, 59, 61, 64, 65, 66, 67, 68, 69
México, CDMX	38
México, Chihuahua	41, 44, 45, 46, 47, 56
México, Coahuila	3, 5, 6, 8, 12, 18, 20, 22, 35, 40, 42, 44, 45, 50, 52, 53, 62, 70
México, Durango	1, 2, 5, 7, 11, 12, 14, 15, 16, 17, 21, 23, 33, 34, 43, 60
México, Estado de México	54, 55
México, Guerrero	36
México, Hidalgo	65, 66, 67
México, Nayarit	64, 68, 69
México, Puebla	4
México, Sinaloa	9, 10
México, Tabasco	28
México, Tamaulipas	8, 29, 30, 31, 39, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69
México, Tlaxcala	61
México, Yucatán	35
México, Zacatecas	

Índice de trabajos por título

Página

A

ACCIÓN RADIOPROTECTORA DE DOS RAZONES DE DOSIS BAJAS DE RADIACIÓN GAMMA Y SU EFECTO CRUZADO CON TRIÓXIDO DE CROMO EN <i>Drosophila melanogaster</i>	15
ALELISMO PARA GENES LETALES EN UNA POBLACIÓN NATURAL DE <i>Drosophila melanogaster</i> ORIGINARIA DE MIXCOAC	7
ALTERACIÓN EN EL RECONOCIMIENTO DEL DAÑO AL ADN POR LESIONES DE DOBLE CADENA EN LINFOCITOS DE RATAS DESNUTRIDAS	51
ALTERACIONES NUCLEARES EN PERSONAS LABORALMENTE EXPUESTAS A PLAGUICIDAS. ESTUDIO PRELIMINAR	65
ANÁLISIS DE INESTABILIDAD GÉNICA POR MEDIO DE LA EVALUACIÓN DE MICRONÚCLEOS EN SANGRE PERIFÉRICA DE NIÑOS CON SOBREPESO Y OBESIDAD	57
ANÁLISIS POSTMORTEM DE POLIMORFISMOS Y PERFILES DE EXPRESIÓN DE LOS GENES <i>HMGCR</i> , <i>SREBP2</i> , <i>SOAT1</i> Y <i>CYP46A1</i> Y SU ASOCIACIÓN CON SUICIDIO	5
APOE4 EN EL ADULTO MAYOR CON DETERIORO COGNITIVO	53
ASOCIACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS GENÉTICOS DEL <i>CYP3A4</i> , <i>CYP3A5</i> Y <i>ABCB1</i> CON LA RESPUESTA CLÍNICA A NIFEDIPINO EN MUJERES CON PREECLAMPSIA-ECLAMPSIA	35
ASOCIACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS rs9939609 (<i>FTO</i>) y rs2295490 (<i>TRIB3</i>) CON LA DIABETES TIPO 2 EN POBLACIÓN GUERRERENSE	54
ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO rs12522248 del gen <i>TIM-1</i> y rs911119 DEL GEN <i>CST3</i> CON <i>KIM-1</i> y <i>CYSTATINA -C</i> URINARIO EN PACIENTES DE LA COMARCA LAGUNERA	47
ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO rs833061 DEL GEN <i>VEGF</i> CON ARTRITIS REUMATOIDE	4
ASOCIACIÓN DEL SNP RS3764435 DEL GEN <i>ALDH1A1</i> CON ENFERMEDAD DE PARKINSON EN POBLACIÓN MEXICANA	6

B

BANCO DE GENES DE <i>Phaseolus</i>	8
BIOINFORMÁTICA APLICADA AL ESTUDIO DE GENÉTICA POBLACIONAL DE PECES DE IMPORTANCIA COMERCIAL DE COSTAS MEXICANAS	48

	Página
BIOMARCADORES ANTROPOMÉTRICOS, METABÓLICOS Y POLIMORFISMOS DE <i>LEP</i> Y <i>LEPR</i> EN MUJERES CON CÁNCER DE MAMA Y SU POSIBLE IMPLICACIÓN EN LA RESPUESTA A LA QUIMIOTERAPIA	50
C	
CARACTERIZACION DE LAS VARIANTES rs1805386 del gen <i>LIG4</i> y rs1805377 del gen <i>XRCC4</i> y SU ASOCIACIÓN CON LA PREECLAMPSIA	22
CUANTIFICACIÓN DE ADUCTOS EN DNA DE LINFOCITOS DE FUMADORES SANOS, PACIENTES CON CÁNCER PULMONAR O EPOC, Y SU ASOCIACIÓN CON VARIANTES ALÉLICAS DE RIESGO.	42
D	
DAÑO AL DNA EN CÉLULAS DE MUCOSA ORAL DE TRABAJADORES AGRICOLAS EXPUESTOS A PLAGUICIDAS	66
DAÑO AL DNA EN PERSONAS LABORALMENTE EXPUESTAS A PLAGUICIDAS. EVALUACIÓN PRELIMINAR CON EL ENSAYO COMETA	67
DAÑO AL DNA INDUCIDO POR INSECTICIDAS ORGANOFOSFORADOS EN <i>Vicia faba</i>	30
DAÑO GENOTÓXICO EN MUJERES CON EXPOSICIÓN CRÓNICA A NITRATOS EN AGUA DE BEBIDA	52
DETERMINACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE CONTAMINANTES EMERGENTES EN EL PEZ CEBRA <i>Danio rerio</i>	25
DIAGNÓSTICO DEL GÉNERO <i>Rickettsia</i> POR PCR EN TIEMPO REAL EN GARRAPATAS PARASITARIAS DEL PERRO (<i>Canis lupus familiaris</i>), EN CIUDAD VICTORIA, TAMAULIPAS, MÉXICO	28
E	
EFFECTO AMBIENTAL SOBRE GENOTIPOS DE MAÍZ SEGREGANTES DE LA POLIEMBRIONÍA	56
EFFECTO CITOGÉNÉTICO DEL CAMPO MAGNÉTICO INDUCIDO POR IMÁN DE FERRITA SOBRE LINFOCITOS HUMANOS <i>IN VITRO</i>	29
EFFECTO CITOTÓXICO DE LA EPIGALOCATEQUINA GALATO (EGCG), TÉ VERDE MATCHA Y TÉ VERDE SENSHA EN LA LÍNEA CELULAR DE ADIPOCTOS 3T3-L1	62
EFFECTO DE LAS VARIANTES COMUNES EN LOS GENES SLC22A1 Y SLC22A2 SOBRE EL CONTROL GLICÉMICO DE PACIENTES CON DIABETES TIPO 2 TRATADOS CON METFORMINA	55

	Página
EFFECTO DEL ALL-TRANS-ÁCIDO-RETINOICO SOBRE LA PROTEÍNA MORFOGÉNICA DE HUESO-7 EN MODELO ANIMAL DE IMPLANTE DE ÁCIDO POLILÁCTICO	44
EFFECTO DEL TALIO SOBRE EL DESARROLLO EMBRIONARIO Y FETAL EN RATONES CD-1	37
EFFECTO GENOTÓXICO DE 3 ANALGÉSICOS ANTIINFLAMATORIOS NO ESTEROIDEOS (AINES) EN LA RANA AFRICANA <i>Xenopus laevis</i>	27
EFFECTO GENOTÓXICO DE MUESTRAS DE AGUA COLECTADA DE LOS RÍOS: PURIFICACIÓN CORONA Y PILÓN DE TAMAULIPAS, SOBRE CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE <i>Vicia faba</i>	13
EL POLIMORFISMO <i>rs1800435 (G177C)</i> DEL GEN <i>ALAD</i> COMO FACTOR DE RIESGO PARA INTOXICACIÓN POR PLOMO Y PREECLAMPSIA	18
EN LA CRUZA BIOACTIVACIÓN ELEVADA DE SMART EN ALA DE <i>Drosophila melanogaster</i> , LA NICOTINA, EL RESVERATROL Y SUS CO-TRATAMIENTOS INDUCEN MENOS DAÑO GENOTÓXICO	43
ENSAMBLAJE DE NOVO Y ANOTACIÓN FUNCIONAL DEL TRANSCRIPTOMA DE CINCO ESPECIES DE MURCIÉLAGOS DE YUCATÁN, MÉXICO	61
ENSAYO DE MUTACIÓN Y RECOMBINACIÓN SOMÁTICA CON MUESTRAS DE AGUA DEL BORDO LA ESTANZUELA	19
ESTADO EPIGENÉTICO DEL SITIO PROMOTOR DE GEN DEL RECEPTOR DE VITAMINA D EN PACIENTES CON DIABETES TIPO 2 Y PERSONAS SANAS	3
ESTADO OXIDANTE ASOCIADO AL MANEJO RENAL DE MAGNESIO EN PACIENTES CON PIE DIABÉTICO	45
ESTRUCTURA GENÉTICA Y FILOGEOGRAFÍA DE POBLACIONES DE <i>Girardinichthys multiradiatus</i> (Meek, 1904), EN DOS CUENCAS HIDROLÓGICAS DEL ESTADO DE MÉXICO	2
ESTUDIO DEL EFFECTO GENOTÓXICO Y CITOTÓXICO DEL VENENO DE LAS SERPIENTES <i>Ophryacus smaragdinus</i> Y <i>Ophryacus sphenophrys</i> EN RATÓN	32
ESTUDIO GENÉTICO POBLACIONAL DEL PARGO LUNAREJO <i>Lutjanus guttatus</i> EN LAS COSTAS DEL PACÍFICO ORIENTAL TROPICAL	59
EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ENZIMÁTICA Y EXPRESIÓN GÉNICA DE ALGUNAS ENZIMAS ASOCIADAS A ESTRÉS OXIDANTE Y METABOLISMO XENOBIÓTICO EN DOS CEPAS DE <i>Drosophila melanogaster</i>	34
EVALUACIÓN DE MICRONUCLEOS EN BRANQUIA DEL PEZ <i>Mugil cepalus</i> COMO MARCADOR DE CONDICIONES AMBIENTALES	26

	Página
EVALUACIÓN DEL DAÑO GENÉTICO INDUCIDO POR RADIACIÓN GAMMA ADMINISTRADA A DIFERENTES RAZONES DE DOSIS <i>IN VIVO</i>	14
EVALUACIÓN DEL EFECTO EMBRIOTÓXICO Y TERATOGÉNICO DE LA BEBIDA ENERGÉTICA RED BULL EN UN MODELO <i>IN VIVO</i> DE <i>Drosophila melanogaster</i>	17
EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE LOS METALES Cd, Cr, Pb Y SU MEZCLA EN EL OSTIÓN JAPONÉS <i>Crassostrea gigas</i>	24
EVALUACIÓN DEL POTENCIAL GENOTÓXICO DE FUENTES DE AGUA POTABLE EN EL ESTADO DE TLAXCALA	68
EVALUACIÓN DEL POTENCIAL GENOTÓXICO DEL SULFATO DE COBRE EN LA RAIZ DE <i>Vicia faba</i>	31
EVALUACIÓN <i>IN VITRO</i> DE LA TOXICIDAD A DIFERENTES TIEMPOS DE EXPOSICIÓN A TALIO(I) Y TALIO(III)	49
EVALUACIÓN RÁPIDA DEL POTENCIAL DE RIESGO GENOTÓXICO (ERPRG) DE METALES PESADOS EN ZIMAPÁN, HIDALGO, MÉXICO	36
EVIDENCIA DEL EFECTO RADIOPROTECTOR DEL ÁCIDO ASCÓRBICO DEPENDIENTE DE LA RAZÓN DE DOSIS	16

F

FRECUENCIA DE ABERRACIONES CROMOSÓMICAS POR CONSUMO RECREATIVO DE MARIHUANA	11
---	----

G

GLUCOSA Y CORTISOL COMO CORRELATO BIOLÓGICO DE SENTIMIENTO DE CULPA Y ESTRÉS EMOCIONAL EN SUJETOS SANOS Y DIABÉTICOS	46
--	----

H

HIPOTIROIDISMO SUBCLÍNICO Y SU RELACIÓN CON LA VARIANTE GÉNICA DE <i>FOXE1</i> EN FAMILIAS DE LA ZONA RURAL DE CD. LERDO, DURANGO	40
---	----

I

IDENTIFICACIÓN DE BIOMARCADORES DE EXPOSICIÓN, EFECTO Y SUSCEPTIBILIDAD GENÉTICA EN TRABAJADORES EXPUESTOS OCUPACIONALMENTE A PLAGUICIDAS	70
---	----

	Página
INCIDENCIA DIFERENCIAL DE SECUENCIAS REPETIDAS EN TÁNDEM DENTRO DE GENOMAS PROCARIONTES EXTREMÓFILOS	21
INDUCCIÓN DE MICRONÚCLEOS EN CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE <i>Vicia faba</i> POR EXPOSICIÓN A AGUAS SUPERFICIALES	64
L	
LOCALIZACIÓN DE SATÉLITES Y CROMOSOMAS NOR PARA LA INTERPRETACIÓN DEL CARIOTIPO DE <i>Sesbania virgata</i> (Papilionoideae, Sesbanieae) DE DOS POBLACIONES AMERICANAS	1
M	
MANEJO RENAL DEL MAGNESIO COMO BIOMARCADOR DE REGULACION DE DAÑO EN DIABETES	41
METILACIÓN EN LOS GENES <i>CYP19</i> , <i>SRY</i> Y <i>WNT-4</i> EN POBLACIONES DE MANATÍES (<i>Trichechus manatus manatus</i>) DEL SUR DEL GOLFO DE MÉXICO	9
METILACIÓN EN LOS GENES <i>NR3C1</i> , <i>NR3C2</i> Y <i>POMC</i> EN LA VÍA DE GLUCOCORTICOIDES EN POBLACIONES DE MANATÍES (<i>Trichechus manatus manatus</i>) DEL SURESTE DEL GOLFO DE MÉXICO EN FUNCIÓN DE FACTORES ESTRESANTES	10
MONITOREO CITOGENÉTICO EN LINFOCITOS DE RECIÉN NACIDOS EXPUESTOS AL TABACO DURANTE EL EMBARAZO	38
MUTAGENICIDAD INDUCIDA POR LA MATERIA ORGÁNICA DE PM ₁₀ DE TRES SITIOS DE LA ZONA METROPOLITANA DEL VALLE DE MÉXICO	39
P	
PERFILES DE EXPRESIÓN DE LOS GENES <i>HMGCR</i> Y <i>SREBP2</i> Y SU ASOCIACIÓN CON LA PRESENCIA DE TRASTORNO DEPRESIVO MAYOR	12
POLIMORFISMOS NULOS DE LOS GENES <i>GSTT1</i> Y <i>GSTM1</i> Y ENFERMEDAD DE PARKINSON	20
POTENCIAL GENÓTOXICO DE SEDIMENTOS DEL ARROYO TOTOLAC, TLAXCALA EN <i>Vicia faba</i>	69
PROCESO DE ENSEÑANZA-APRENDIZAJE DE LA FARMACOGENÓMICA A NIVEL LICENCIATURA EN LA FES CUAUTITLÁN	60
PRUEBAS DE CITO Y GENOTOXICIDAD DE ACEITE COMERCIAL DE SEMILLA DE NEEM	58

S

SUSCEPTIBILIDAD A CARIES POR LOS POLIMORFISMOS DE GSTT1, GSTM1 Y GSTP1

33

V

VALIDACIÓN FENOTÍPICA Y DESARROLLO DE MARCADORES MOLECULARES DEOPAQUE2 Y ASK2 PARA EL MEJORAMIENTO ASISTIDO DE MAÍCES DE CALIDAD PROTEÍNICA

23

X

Xylocopa (*Neoxylocopa*) *cearensis* DUCKE, 1911 Y *Xylocopa* (*NEOXYLOCOPA*) *carbonaria* (SMITH 1854), ¿FORMAS DE UNA MISMA ESPECIE? UN ANÁLISIS CON DATOS MOLECULARES

63

CNG2018 001

LOCALIZACIÓN DE SATÉLITES Y CROMOSOMAS NOR PARA LA INTERPRETACIÓN DEL CARIOTIPO DE *Sesbania virgata* (PAPILIONOIDEAE, SESBANIEAE) DE DOS POBLACIONES AMERICANAS

Tapia-Pastrana F^{1*}, Tapia-Aguirre F²

¹Laboratorio de Genecología, División de Estudios de Posgrado e Investigación, Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Universidad Nacional Autónoma de México, Batalla del 5 de Mayo s.n., Col. Ejército de Oriente, C.P. 09320, CD. MX., México. pasfer@unam.mx

²Carrera de Biología, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, Avenida de los Barrios 1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, C.P. 54090, Estado de México, México.

Los estudios citogenéticos en el género *Sesbania* muestran desacuerdo sobre el número preciso y posición de las constricciones secundarias y satélites así como de la relación que guardan con la organización del nucléolo. La carencia de esta información dificulta la realización de estudios confiables sobre citogenética comparada y evolución cromosómica en el género por lo que el objetivo de este trabajo es identificar en células en metafase y prometafase el número de constricciones secundarias y satélites, tipo, posición y su relación con la organización del nucléolo en dos poblaciones americanas geográficamente distantes de *Sesbania virgata*. Esta información se utilizará en la interpretación del cariotipo en esta especie. Para tal propósito se aplicó una técnica de extendido en superficie y secado al aire para obtener cromosomas en prometafase y metafase típica a partir de meristemas radiculares. Cada población exhibió un cariotipo diferente y solo dos constricciones secundarias asociadas a macrosatélites en los brazos cortos del par cromosómico más pequeño y no en brazos largos como fue sugerido por otros autores. La inclusión de las constricciones secundarias y satélites en el nucléolo de células en prometafase permitió corroborar su participación activa en la formación de éste. Esta información se utilizó para reevaluar la posición de las regiones del organizador nucleolar "NOR". Los resultados concuerdan con el punto de vista predominante sobre la ubicación de los "NOR" en los brazos cortos de especies vegetales, particularmente en leguminosas. Además, dado que las poblaciones bajo estudio se encuentran geográficamente aisladas, se favorece un proceso activo de especiación manifestado en los dos citotipos encontrados cuyas diferencias se atribuyen a cambios en la proporción de brazos de los cromosomas satelitales.

CNG2018 002

ESTRUCTURA GENÉTICA Y FILOGEOGRAFÍA DE POBLACIONES DE *Girardinichthys multiradiatus* (Meek, 1904), EN DOS CUENCAS HIDROLÓGICAS DEL ESTADO DE MÉXICO

Vallejo-CruzFJ^{1*}, Cruz-Gomez A², Rodríguez-Varela AC², Moreno-Santillán D, Piedra-Ibarra E¹

¹Laboratorio de Fisiología Vegetal, Unidad de Biotecnología y Prototipos y ²Laboratorio de Ecología de Peces, Facultad de Estudios Superiores Iztacala. Avenida de los Barrios No. 1, Colonia Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, Estado de México, C.P. 54090. lucarior12@gmail.com

Girardinichthys multiradiatus, presenta dimorfismo sexual y variación conductual entre sus poblaciones, por lo que se ha propuesto que deben presentar una fuerte estructuración y alta divergencia genética como pasa con otras especies de goodeidos dimórficos. Hasta el momento no se han reportado evidencias que apoyen esa propuesta. El uso del barcoding con el gen mitocondrial COI ha sido exitoso en la identificación de especies crípticas, conservación de especies y análisis filogeográficos. Con este recurso se realizó un análisis de poblaciones de *G. multiradiatus* localizadas en dos cuencas del Estado de México con el fin de identificar los haplotipos mitocondriales correspondientes a este gen y determinar su frecuencia y diversidad. Además de determinar si existe estructuración genética e inferir sobre su historia filogeográfica. Se realizó un muestreo en las poblaciones donde habita el organismo, posteriormente se realizó extracción de ADN nucleico utilizando el reactivo DNAzol y se amplificó el gen mediante PCR. Una vez obtenidas las muestras, se realizó un análisis para encontrar los sitios parsimoniosos y determinar los haplotipos. Con éstos se realizó un AMOVA para buscar estructuración genética y obtener el índice de divergencia genética. Se calculó la distancia genética entre los haplotipos y un grupo externo para conocer su identidad como especie, por último se realizó una red de haplotipos para explicar los procesos históricos de las poblaciones. Se encontraron ocho haplotipos, tres de ellos exclusivos de la Cuenca del Lerma y otros cuatro de la Cuenca del Pánuco; el de mayor frecuencia pertenece a la primera. Se encontró también que las poblaciones se agrupan en dos, correspondiendo con las cuencas, con un índice de diferenciación genética alto $F_{ST}=0.55210$ ($P_{val}=0.0000<0.05$). Se pudo determinar que la distancia genética, con el marcador COI, no rebasa el umbral para considerar que se haya dado un proceso de especiación. Por último, las evidencias sugieren, que la cuenca del Lerma es el centro de diseminación en esta zona dado que ahí se encontró el haplotipo más cercano a la especie congénérica *G. viviparus*. Según estas evidencias, la Cuenca del Pánuco fue colonizada en dos ocasiones por distintos linajes y con distinto alcance geográfico.

CNG2018 003**ESTADO EPIGENÉTICO DEL SITIO PROMOTOR DE GEN DEL RECEPTOR DE VITAMINA D EN PACIENTES CON DIABETES TIPO 2 Y PERSONAS SANAS**

Rincones-Monárrez D, Sierra-Puente RE, González-Romero Á, Reyes-Romero MA

Departamentos de Medicina y Nutrición Molecular de la Facultad de Medicina y Nutrición de la UJED. Av. Universidad S/N, Col. Los Ángeles, 34000. Durango, Dgo.
rmzdoris1@gmail.com

El receptor de vitamina D es un factor de transcripción asociado a DT2 y su gen codificante (*VDR*) tiene sitios potenciales de metilación en su promotor, lo cual potencialmente afectaría su expresión y en consecuencia los efectos de la vitamina D. Sin embargo, en la actualidad no hay estudios acerca de modificaciones epigenéticas del gen *VDR* en diabetes mellitus tipo 2. El objetivo de este trabajo fue determinar si existe metilación diferencial del sitio promotor del gen *VDR* entre mujeres con diabetes mellitus tipo 2 y sanas. Se diseñó un estudio de casos y controles pareados por edad y sexo, incluyendo diez participantes por grupo, se aisló ADN genómico a partir de leucocitos y se amplificó por PCR un fragmento de 131 pb del promotor de *VDR* que incluyó 14 sitios CpG. La temperatura de disociación de las cadenas del fragmento amplificado (T_m) es función del número de sitios metilados por lo cual se determinó el T_m por fundido de ADN de alta resolución utilizando un termociclador Eco™ illumina®. Los resultados fueron los siguientes, la mediana de edad en ambos grupos de estudios fue de 54.5 años. El valor de T_m para el grupo de casos fue de 90.167°C y para el grupo de controles de 89.25°C ($p = 0.04$) lo que corresponde a una diferencia del 10% en el grado de metilación. Se concluye que la diferencia en la metilación del promotor de *VDR* pudiera estar relacionada con los efectos de la vitamina D en este tipo de pacientes. Se amerita de estudios con muestras más grandes y el estudio específico de los sitios metilados.

CNG2018 004

ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO rs833061 DEL GEN *VEGF* CON ARTRITIS REUMATOIDE

Valdez-López SM¹, Ibarra-Mendoza B¹, García-Magallanes N¹, Zambrano-Zaragoza JF², Romo-Martínez EJ^{1*}

¹Universidad Politécnica de Sinaloa. Programa de Maestría en Ciencias Aplicadas. Carretera Mazatlán Higuera, Km 3. Colonia Genaro Estrada C.P. 82199. Mazatlán, Sinaloa.

²Universidad Autónoma de Nayarit. Unidad Académica de Ciencias Químico Biológicas y Farmacéuticas. Ciudad de la Cultura "Amado Nervo". CP 63155. Tepic, Nayarit.
eromo@upsin.edu.mx

La artritis reumatoide (AR) es una enfermedad sistémica, multifactorial, crónica e inflamatoria, de etiología autoinmune, caracterizada por la inflamación simétrica persistente en articulaciones periféricas, infiltración de células inflamatorias e incremento en la angiogénesis. El factor de crecimiento endotelial tipo A (*VEGF-A*) codificado por el gen *VEGF* es una proteína que participa en el proceso de angiogénesis. Se han reportado múltiples polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) en este gen. El SNP rs833061 del gen *VEGF* se caracteriza por la sustitución de nucleótidos T>C en la posición -460 de la región promotora del gen, lo que provoca un incremento en la producción de mRNA. Se han reportado niveles de *VEGF-A* aumentados en una amplia variedad de enfermedades autoinmunes, por lo que dicho SNP ha sido considerado para su estudio como posible marcador genético de susceptibilidad en el desarrollo de AR. El objetivo general del presente trabajo fue determinar la asociación del SNP rs833061 con la susceptibilidad a desarrollar AR en la población del occidente de México. Para demostrar lo anterior se analizaron 246 muestras de individuos con diagnóstico de AR (casos) y 109 de individuos clínicamente sanos (testigos) residentes de la zona pacífico central de México. La genotipificación del SNP se llevó a cabo usando el sistema de sondas TaqMan®. La estimación de riesgo fue determinada a través de los *Odds ratio* (OR) y los intervalos de confianza al 95%. Además, se analizó la asociación de los genotipos obtenidos con AR separando los pacientes de acuerdo a sus valores de DAS28. Las frecuencias genotípicas observadas en los grupos casos y controles fueron similares: el genotipo TC fue el de mayor frecuencia, seguido por TT y CC (47.6% vs 47.7%, 30.9% vs 32.1% y 21.5% vs 20.2%, respectivamente). Los resultados mostraron que el SNP no presenta asociación significativa con la susceptibilidad de padecer AR. Sin embargo, se encontró asociación del genotipo CC con valores de DAS28 < 3.20 (OR=4.1364, IC95%=1.2952, 13.2095, p=0.0126) en pacientes con AR del occidente de México. Los valores de DAS28 < 3.2 representan baja actividad de la enfermedad, por lo que este genotipo del rs833061 puede asociarse con un efecto protector.

CNG2018 006

ANÁLISIS POSTMORTEM DE POLIMORFISMOS Y PERFILES DE EXPRESIÓN DE LOS GENES *HMGCR*, *SREBP2*, *SOAT1* Y *CYP46A1* Y SU ASOCIACIÓN CON SUICIDIO

Cardenas De la cruz MJ¹, Ramos Rosales DF², Barrasa Salas M², Salas Pacheco JM¹,
Olivas Linares OL³, Mendez Hernandez EM^{4*}

¹Instituto de Investigación Científica, UJED

²Facultad de Ciencias Químicas, UJED

³Facultad de Psicología y Terapia de la Comunicación Humana, UJED

⁴Hopital Regional de Alta Especialidad Ixtapaluca
edna_madai@hotmail.com

Diversos estudios epidemiológicos han permitido asociar la hipocolesterolemia con un aumento del riesgo de suicidio, donde se ha sugerido que la concentración cerebral de colesterol desempeña un papel fundamental sobre los receptores de diversos neurotransmisores. El presente estudio pretende demostrar el papel que desempeñan diversos polimorfismos involucrados en la síntesis de colesterol como rs3761740 y rs3846662 del gen *HMGCR*, rs2228314 del gen *SREBP2*, rs1044925 del gen *SOAT1* y rs754203 del gen *CYP46A1* y la relación de éstos con el suicidio. Estudio de casos y controles. Casos: sujetos cuya causa de fallecimiento sea suicidio. Controles: sujetos pareados por edad, sexo e intervalo post-mortem cuya causa de muerte indique un origen accidental no relacionado a padecimientos neuropsiquiátricos. Se toma una muestra sanguínea de nivel periférico así como de tejido cerebral. Tamaño de la muestra: 150 en cada grupo. Se efectuó la genotipificación de los polimorfismos mencionados y perfiles de expresión de los genes *HMGCR*, *SREBP2*, *SOAT1* y *CYP46A1* en tejido cerebral y sangre periférica. Se cuantificaron los niveles de colesterol y 24S-hidroxicolesterol cerebral y los niveles de colesterol en suero. Para el presente análisis se reclutaron 142 sujetos. De estos, 79 casos y 63 controles, en el grupo de casos 63 (79.71%) hombres y 16 (20.36%) mujeres, con una media de edad de 32.73±14.98 años. Con respecto a los métodos de suicidio registrados, el 74.7% fue por obstrucción mecánica de vías aéreas, 19.0% intoxicación medicamentosa y 5.1% herida por arma de fuego. Sin embargo, no se observan diferencias al comparar las variables clínicas y los hábitos personales patológicos entre los sujetos con suicidio y controles. De manera preliminar, la variante rs2228314 del gen *SREBP2* se comporta como un factor protector asociado a suicidio en un modelo de herencia recesivo. No obstante, es importante contar con las mediciones de colesterol, 24S-hidroxicolesterol y expresión para correlacionar los resultados de la genotipificación con estos biomarcadores.

CNG2018 007**ASOCIACIÓN DEL SNP RS3764435 DEL GEN ALDH1A1 CON ENFERMEDAD DE PARKINSON EN POBLACIÓN MEXICANA**

Salas-Leal AC¹, Pérez-Gavilán Cenicerros JA¹, Salas-Pacheco JM¹,
Arias-Carrión O², Quiñones-Canales G³, Ruano-Calderón LA⁴,
Castellanos-Juárez FX¹, Mendez-Hernández EM¹, La Llave-León O¹,
Sandoval-Carrillo AA^{1*}

¹Instituto de Investigación Científica-UJED.

Av. Universidad esq. con Volantín. Col. Centro, CP 34000. Durango, Dgo.

²Hospital General Dr. Manuel Gea González.

Calzada de Tlalpan 4800. Col. Sección XVI, CP 14080 Ciudad de México.

³Hospital General Santiago Ramón y Cajal-ISSSTE. Calle Predio Canoas y prolongación Canoas,
Col. Silvestre Dorador, CP 34070. Durango, Dgo.

⁴Hospital General 450. Boulevard José María y Patoni. Col. El Cipres, CP 34206. Durango, Dgo.

*adda-sandoval@hotmail.com

La Enfermedad de Parkinson (EP) es el segundo desorden neurodegenerativo más frecuente. Recientemente se han reportado nuevos descubrimientos acerca de factores genéticos implicados en esta enfermedad. El gen ALDH1A1 codifica para la enzima aldehído deshidrogenasa, involucrada en la degradación de productos neurotóxicos resultado del metabolismo de la dopamina. Se ha demostrado que los niveles de ALDH1A1 y su actividad, se encuentran disminuidos en pacientes con EP. Entre los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) que podrían modular los niveles de expresión, se encuentra el SNP rs3764435 (A/C). El objetivo principal de este estudio fue establecer si existe asociación entre el SNP rs3764435 del gen ALDH1A1 y la EP. Se trata de un estudio de casos (119 pacientes con diagnóstico de EP) y controles (177 individuos sin enfermedad neurodegenerativa). Se obtuvo ADN de sangre periférica y se realizó la genotipificación por PCR tiempo real. El grupo control presentó una frecuencia para el alelo A=0.47 y para el alelo C=0.53; las frecuencias genotípicas fueron A/A=0.24, A/C=0.47 y C/C=0.29. Con respecto a los casos, las frecuencias alélicas fueron A=0.57 y C=0.43 y las genotípicas A/A=0.27, A/C=0.60 y C/C=0.13. Encontramos diferencias estadísticamente significativas entre los grupos tanto en las frecuencias alélicas como en las genotípicas ($p=0.022$ y $p=0.006$, respectivamente). El análisis de la estimación de riesgo evidenció que el genotipo C/C del SNP rs356219 del gen ALDH1A1 es un factor protector tanto en un modelo de herencia codominante como en el recesivo (OR=0.38, IC95%=0.20-0.71 y OR=0.42, IC95%=0.20-0.86, respectivamente). Nuestros resultados sugieren que el genotipo C/C del SNP rs3764435 del gen ALDH1A1 es un factor de protección para la EP en población mexicana y debido a su posición intrónica, se sugiere que el SNP puede tener un efecto positivo en la actividad enzimática como resultado del splicing alternativo o incluso influir en el incremento de la expresión génica.

CNG2018 008

**ALELISMO PARA GENES LETALES EN UNA POBLACIÓN NATURAL
DE *Drosophila melanogaster* ORIGINARIA DE MIXCOAC**

Salceda VM

Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, Carretera
México-Toluca S/N, La Marquesa, Ocoyoacac, México, 52750
victor.salceda@inin.gob.mx

Una prueba genética para distinguir si dos mutaciones génicas ocurren en el mismo locus funcional, así como establecer sus límites, es la llamada prueba de complementación, ampliamente empleada en genética microbiana, el mismo principio se utiliza en agronomía y se conoce como dialelo. En genética de poblaciones y en particular en poblaciones de *Drosophila* se usa el término prueba de alelismo y es empleada fundamentalmente para determinar distancias genéticas y persistencia de genes en poblaciones naturales y experimentales en las que generalmente se hace para genes letales en condición heterocigota. Así nos propusimos hacer un análisis de éste tipo, para genes letales portados en el segundo cromosoma de *D. melanogaster* extraídos previamente de una población natural originaria de Mixcoac en la Ciudad de México. La prueba consistió en cruzar cada cepa portadora de un gen letal contra todas las demás. Un total de 50 cepas fueron sometidas a dicha manipulación correspondiendo así a 1225 cruza individuales. Como resultado se obtuvieron 22 cruza alélicas, distribuidas en 18 sencillas y dos dobles. Finalmente la tasa de alelismo determinada fue de 1.88% que no difiere mucho del promedio reportado por otros investigadores en estudios similares.

CNG2018 009**BANCO DE GENES DE *Phaseolus spp***Alejandre Iturbide G^{1*}, Rojas López M², Wallander Compeán L^{1,3}

¹Instituto Politécnico Nacional CIIDIR Unidad Durango, Av. Sigma 119, Fraccionamiento 20 de noviembre II, Durango, Durango. C.P.34220

²Instituto Politécnico Nacional CIBA Tlaxcala, Ex. Hacienda. San Juan Molino, Carr. Estatal Km. 1.5 Tecuexcomac –Tepetitla, Tlaxcala C.P. 90700

^{1,3}Doctorado en Biotecnología IPN CIIDIR Unidad Durango
ghiturbide@hotmail.com

El género *Phaseolus* pertenece a la familia Fabaceae. El frijol común, se cultiva ampliamente bajo condiciones de secano y representa una de las actividades agrícolas más importantes en Durango, que ocupa el segundo lugar a nivel nacional después de Zacatecas. Se cultivan bastantes variedades mejoradas, criollas y antiguas, por sus cualidades culinarias o porque son de gusto regional. Pero además de la riqueza en variedades cultivadas, existen especies silvestres del género *Phaseolus* que de acuerdo con algunos autores pueden variar de 20 a 25 especies, las cuales se distribuyen a lo largo de las distintas zonas ecogeográficas del estado. Generalmente se reconocen como parientes del frijol común, muchos de ellos pertenecen al acervo genético con las que las variedades cultivadas pueden hibridar. Con el propósito de rescatar las especies silvestres del frijol común se realizaron viajes de colecta durante los meses de septiembre octubre y noviembre para recoger vainas de frijoles silvestres. Estos viajes de recolección se realizaron en los diferentes municipios donde se observaron previamente las poblaciones silvestres. Las vainas y granos de frijol silvestre son más pequeños que los cultivados, poseen flores de color lila, son enredaderas, las cuales crecen sobre los árboles y arbustos presentes en los diferentes hábitats. Los granos de frijol silvestre poseen dehiscencia explosiva, se deben de escarificar para que haya germinación, cuando se siembran fuera de su hábitat natural. En general se desarrollan en suelos ligeros, zonas de disturbios y pastizales. La mayoría de las especies silvestres emparentadas con el frijol común son de hábito trepador, sin embargo hay otros géneros de *Phaseolus* que son de hábito rastrero. La conservación *ex situ* de estos parientes del frijol común se resguarda en condiciones de bajas temperaturas y conforman un banco genético o de germoplasma que tiene una utilidad potencial en un futuro, donde se pueden incorporar genes favorables a las variedades cultivadas que le confieran tolerancia al calor, sequía y condiciones de estrés biótico.

Agradecimientos: Gabriel Alejandro Iturbide y Marlon Rojas López agradecen al Instituto Politécnico Nacional, COFAA-IPN por la beca de exclusividad otorgada.

CNG2018 010

METILACIÓN EN LOS GENES *CYP19*, *SRY* Y *WNT-4* EN POBLACIONES DE MANATÍES (*Trichechus manatus manatus*) DEL SUR DEL GOLFO DE MÉXICO

Hernández Marín A, Leshner Gordillo JM*, Olivera Gómez LD*

Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. División Académica de Ciencias Biológicas.
Carretera Villahermosa-Cárdenas Km. 0.5 S/N, Entronque a Bosques de Saloya. CP. 86150.
Villahermosa, Tabasco, México.
julialesher1@gmail.com

Los mamíferos presentan diferenciación del sexo por etapas. La primera, es la determinación sexual cromosómica; en donde dependiendo de la combinación de los cromosomas sexuales se desarrollará un fenotipo femenino o masculino. La segunda, consiste en la activación de procesos moleculares que desencadenarán la diferenciación gonadal. En los machos el gen *SRY* es el responsable de la diferenciación testicular; por otro lado, el gen *WNT-4* es esencial para el desarrollo de los ovarios, así como la fertilidad de las hembras. Finalmente, la tercera etapa corresponde a la diferenciación de los genitales externos, la cual es regulada por el gen *CYP19* que sintetiza estrógenos. Por lo tanto, debido a la importancia que desempeñan los genes encargados de la diferenciación sexual, el trabajo propone determinar y comparar los patrones de metilación en los genes *CYP19*, *SRY* y *WNT-4* en poblaciones de *Trichechus manatus manatus*, en las cuales se han reportado individuos adultos que han sido recapturados con apariencia juvenil, por lo que se cree que esta condición pueda deberse a un cese en su desarrollo y asociarse con problemas de esterilidad. La importancia de estudiar la metilación del ADN radica en que esta condición reprime la transcripción genética; por consiguiente, el desarrollo sexual y fenotípico en las poblaciones de estudio pudiera estar siendo afectado por el silenciamiento de los genes anteriormente propuestos. Para obtener los patrones de metilación, se extraerá ADN de muestras de piel, utilizando un kit comercial de extracción genómica para animales. Posteriormente, serán amplificados los genes *CYP19*, *SRY* y *WNT* por la técnica PCR. Los productos de PCR se tratarán con el método de bisulfito de sodio y posteriormente serán enviados a secuenciar para obtener los patrones de metilación. Para comparar los patrones de metilación se realizará un análisis de AMOVA de dos vías.

CNG2018 011

METILACIÓN EN LOS GENES *NR3C1*, *NR3C2* Y *POMC* EN LA VÍA DE GLUCOCORTICOIDES EN POBLACIONES DE MANATÍES (*Trichechus manatus manatus*) DEL SURESTE DEL GOLFO DE MÉXICO EN FUNCIÓN DE FACTORES ESTRESANTES

Valdés Marín A, Leshner Gordillo JM* Olivera Gómez LD*

Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. División Académica de Ciencias Biológicas.
Carretera Villahermosa-Cárdenas Km. 0.5 S/N, Entronque a Bosques de Saloya, CP. 86150,
Villahermosa, Tabasco, México.
Julialesher1@gmail.com

Las poblaciones pueden ser afectadas por factores estresantes permanentes debido a un cambio en las condiciones ambientales en las que normalmente se desarrollan, lo que altera su ecología y evolución. Como respuesta, los vertebrados producen hormonas glucocorticoides (cortisol y corticosterona) para desarrollar una respuesta fisiológica de alerta conocida como estrés. Esta respuesta está regulada por el sistema nervioso autónomo y el eje hipotálamo-pituitario-adrenal. La cuantificación convencional total de glucocorticoides se ha utilizado para medir el nivel de estrés en los organismos, sin embargo, esta técnica ofrece información limitada. Por lo tanto, debido a que la producción de glucocorticoides depende de una cascada genética específica, se propone abordar el efecto de los factores estresantes a nivel epigenético, mediante la evaluación de los niveles de metilación del DNA en los genes *NR3C1*, *NR3C2* y *POMC* que codifican a receptores de glucocorticoides. Se propone al manatí Antillano (*Trichechus manatus manatus*) como organismo de estudio ya que varias de sus poblaciones se encuentran amenazadas por factores estresantes de origen antropogénico y ambientales; además de estar catalogado como una especie en peligro de extinción. En el presente trabajo se compararán poblaciones aisladas con presencia constante de factores estresantes con poblaciones de vida libre con bajo impacto antropogénico. Igualmente, se comparará a individuos capturados en condiciones de estiaje con los capturados en lluvias. El DNA genómico se obtendrá a partir de muestras de piel de manatíes, mediante la técnica de lisis celular. Se amplificarán los genes propuestos con la técnica de PCR. Los productos de PCR obtenidos se tratarán con bisulfito de sodio y serán re-amplificados mediante PCR. Se realizará una pirosecuenciación del DNA y se contabilizarán los niveles de metilación utilizando el programa PYROMARK Q24 (QIAGEN). Para comparar las poblaciones realizará un análisis AMOVA de dos vías y un análisis de χ^2 .

CNG2018 013**FRECUENCIA DE ABERRACIONES CROMOSÓMICAS POR CONSUMO RECREATIVO DE MARIHUANA**

Aguirre Castañeda LA, Esquivel Sánchez JA, Bastida Ramírez L, Dorantes Gómez L, Orta Estrada RA, Mejía Sánchez F, Castillo Cadena J*

¹Facultad de Química, UAEMéx.,
Paseo Colón esquina Paseo Tollocan S/N. C.P. 50100. Toluca de Lerdo, Méx.

²Facultad de Ciencias, UAEMéx.,
Carretera Toluca Ixtlahuaca, Km 15.5, CP. 50200, Edo. de Méx.

³Centro de Investigación en Ciencias Médicas (CICMED), UAEMéx., Calle Jesús Carranza 205, Col. Universidad, C.P. 50130, Toluca de Lerdo, Méx.

*jcastillo_cadena@hotmail.com

La marihuana se elabora partir de la planta *Cannabis sativa*. Alrededor de 60 cannabinoides forman el principio activo, siendo el Δ -9-tetrahidrocannabinol el más abundante y biológicamente poderoso. El consumo de marihuana con fines recreativos recientemente ha aumentado. La mayoría de los individuos consideran que su consumo no genera adicción ni daños a la salud. Estudios realizados en varios países, obtuvieron resultados contradictorios respecto a los daños al genoma. Principalmente porque la metodología empleada fue deficiente, con muestras pequeñas y esencialmente en sistemas de prueba *in vitro*. En México, no existen investigaciones respecto a la genotoxicidad causada en individuos que utilizan marihuana de manera recreativa. El objetivo del presente estudio es determinar la frecuencia de aberraciones cromosómicas (AC) en linfocitos de sangre periférica de consumidores recreativos de marihuana. Es un estudio transversal comparativo. Se invitó a participar de manera voluntaria a individuos de la comunidad universitaria de la UAEMex que consumieran marihuana de manera recreativa (grupo expuesto) y a individuos que no la consumieran (grupo no expuesto). Quienes aceptaron, firmaron la carta de consentimiento informado y proporcionaron datos sobre el consumo. Se tomó una muestra de sangre periférica. Se realizó cultivo de linfocitos de 48 h, cosecha, preparación de laminillas, tinción con Giemsa y observación al microscopio de AC. Se leyeron 100 metafases por individuo. Se presentan los primeros resultados. Se han leído 18 muestras del grupo expuesto y 22 del no expuesto. En ambos grupos la edad promedio es de 21 años. En el grupo expuesto 38.4% son mujeres, 61.5% hombres. En el grupo no expuesto, 13.3% son mujeres y 86.6% hombres. La frecuencia de AC en los expuestos fue 9.6% y en los no expuestos 6.8%. Se encontraron fracturas cromatídicas, cromosómicas, fragmentos acéntricos y endoreduplicaciones. Las AC más frecuentes en ambos grupos fueron fractura cromatídica y cromosómica. Los resultados preliminares muestran mayor frecuencia de aberraciones cromosómicas en individuos expuestos recreativamente a la marihuana. Se continúa con el estudio. Se aumentará el tamaño de la muestra hasta un mínimo de 30 individuos en cada grupo.

CNG2018 014

PERFILES DE EXPRESIÓN DE LOS GENES *HMGCR* Y *SREBP2* Y SU ASOCIACIÓN CON LA PRESENCIA DE TRASTORNO DEPRESIVO MAYOR

Segoviano Mendoza MA¹, Barraza Salas M², Castellanos Juárez FX³, Salas Pacheco JM³, Arias Carrión O⁴, Méndez Hernández EM*⁵

¹Facultad de Medicina y Nutrición, UJED.

²Facultad de Ciencias Químicas, Campus Durango UJED.

³Instituto de Investigación Científica "Dr. Roberto Rivera Damm", UJED.

⁴Hospital General "Dr. Manuel Gea González", SSA.

⁵Hospital Regional de Alta Especialidad de Ixtapaluca.
marcela_segoviano@hotmail.com

Se ha sugerido que la presencia de niveles reducidos de colesterol se asocia al desarrollo de Trastorno Depresivo (TD). En la síntesis de colesterol a nivel periférico y central, la proteína de unión a elementos reguladores de esteroides (*SREBP2*) y la enzima 3-hidroxi-3metil glutaril CoA reductasa (*HMGCR*) representan importantes blancos reguladores, por lo que sus niveles de expresión podrían estar asociados a la presencia de TD. Se incluyeron 35 casos de TD y 35 controles sanos. Se cuantificaron los niveles de colesterol en sangre venosa utilizando el método colorimétrico. Para el análisis de expresión génica, se utilizaron los kits *MagMax ambion* y *High Capacity cDNA reverse transcription* para la extracción y retrotranscripción. La cuantificación de la expresión relativa se realizó por qPCR. El análisis comparativo de los niveles de expresión del gen *SREBP2* reporta una expresión significativamente menor ($p 0.025$) en el grupo TD; la expresión de *HMGCR* tiene un incremento significativo en los casos comparada con los controles ($p 0.0005$). Se observó una correlación inversa entre los niveles de colesterol sérico y los niveles de expresión del gen *HMGCR* ($r -0.296$, $p 0.013$). Se observó un patrón diferencial en los perfiles de expresión génica de *HMGCR* y *SREBP2* entre los grupos de estudio. Así mismo, la correlación inversa entre los niveles de colesterol y la expresión de *HMGCR* puede ser resultado de una adecuada respuesta del mecanismo de regulación transcripcional.

CNG2018 015**EFFECTO GENOTOXICO DE MUESTRAS DE AGUA COLECTADA DE LOS RIOS; PURIFICACIÓN CORONA Y PILÓN DE TAMAULIPAS, SOBRE CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE *Vicia faba***

Torres-Torres JC, Correa-Sandoval A, Flores-Gracia J*

Laboratorio de Microbiología, Área de Diagnóstico Molecular, Instituto Tecnológico de Cd. Victoria, Tamaulipas. 87010, Boulevard Emilio Portes Gil #1301 Pte. A.P. 175 Cd. Victoria, Tamaulipas, México.
juliotorrestorres@hotmail.com

La prueba de micronúcleos (MN) es considerada versátil y eficiente para determinar el efecto de agentes genotóxicos, ya que estos agentes causan la fragmentación o retraso de los cromosomas durante la división celular, dando como resultado pequeños cuerpos excluidos del núcleo. Como parte de esta prueba se estima el Índice Mitótico (IM) contabilizando las células que se encuentran en cada etapa de la división celular, ya que muchos de estos agentes potencialmente pueden también inducir efectos citotóxicos. El centro de Tamaulipas cuenta con varios ríos, los cuales son impactados por diversas actividades humanas, entre ellos se encuentran los ríos Purificación, Corona y Pílon, que alimentan la presa Vicente Guerrero, la cual provee de agua potable a la capital del estado, Cd Victoria. En este estudio se muestrearon distintos puntos a lo largo de estos ríos y mediante la prueba de MN, se determinó la presencia de agentes genotóxicos y citotóxicos. Para ello se empleó como bioensayo a *Vicia faba*, específicamente las células meristemáticas de su raíz. Se llevaron a cabo 4 repeticiones por muestra, las semillas se germinaron en algodón humedecido con agua purificada, cuando las raíces alcanzaron de 2 a 4 cm fueron expuestas a las diferentes muestras por 48 horas, a 22 °C, en oscuridad. Como testigo negativo se empleó agua purificada y como testigo positivo agua oxigenada. Transcurrido el tiempo de tratamiento se procedió a cortar 2 mm del ápice radicular, se fijaron en solución Farmer (3:1), se realizó el "Squash" para tener un tejido en monocapa y se tiñeron con orceína. Se contabilizaron 1000 células por lámina, determinando el porcentaje de células con micronúcleos y el IM, siendo analizadas las diferencias mediante una prueba de χ^2 . Se ha encontrado que una de las muestras induce incremento de la frecuencias de MN y disminuye el IM, sugiriendo la presencia de algún agente genotoxico. Este estudio es de suma relevancia ya que, los ríos muestreados son de vital importancia para el campo, la pesca y en su uso como agua potable, lo que implica un riesgo para la salud de los habitantes de Cd Victoria, Tamaulipas.

CNG2018 016

EVALUACIÓN DEL DAÑO GENÉTICO INDUCIDO POR RADIACIÓN GAMMA ADMINISTRADA A DIFERENTES RAZONES DE DOSIS *IN VIVO*

Jiménez Vega E¹, Pimentel E^{1*}, Cruces MP¹, Amaya-Chávez A²

¹Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares (ININ),

²Facultad de Química, Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, México.

Uno de los factores físicos que modifican el efecto biológico de la radiación es la razón de dosis (RD) que se define como la velocidad con la que se administra una determinada dosis de radiación. Aunque se ha considerado que el efecto biológico está directamente relacionado con la dosis y la RD aún existe controversia al respecto. El presente estudio tiene como objetivo evaluar la relación entre la letalidad y el daño genético inducido por diferentes dosis de radiación gamma administradas a diferentes RD en un sistema *in vivo* utilizando células somáticas de *Drosophila melanogaster*. Para ello se irradiaron larvas heterocigotas *mwh+/+flr³* de segundo estado con 0, 5, 10, 15, 20, 25, 30 ó 35 Gy de rayos gamma, administradas a: 5.14, 32.89 ó 860.91 Gy/h. Después de la irradiación, se colocaron entre 900-1500 larvas en grupos de 100 individuos en tubos homeopáticos con medio de cultivo sintético y se mantuvieron en condiciones de laboratorio (25°C y 60% de humedad relativa) hasta que concluyeron su desarrollo. La viabilidad larva-adulto (LA), se obtuvo de dividir el total de organismos emergidos entre el número de larvas sembradas. Con los datos se construyeron curvas de sobrevivencia y se calculó la dosis letal media (DL₅₀) de cada RD con el método PROBIT (CI 95%). La genotoxicidad, se evaluó con el ensayo SMART en el ala. Se analizó el número y tipo de clones mutantes inducidos en los individuos con genotipo *mwh+/+flr³*. El análisis estadístico se realizó con el programa SMART. Se encontró que la viabilidad LA disminuyó significativamente ($p < 0.001$) a partir de la dosis de 5 Gy pero no con relación a las RD probadas. La DL₅₀ calculada fue de 41.83±1.8, 38.92±1.5 y 40.51±1.8 Gy para 5.14, 32.89 y 860.91 Gy/h respectivamente. La frecuencia de mutación incrementó en relación directa con la dosis y la RD no obstante, las manchas gemelas no revelaron este efecto. Podemos concluir que en *Drosophila* un sistema *in vivo*, los resultados de genotoxicidad apoyan la teoría del efecto directo de la RD pero la LV tuvo relación con esta.

CNG2018 017

ACCION READIOPROTECTORA DE DOS RAZONES DE DOSIS BAJAS DE RADIACIÓN GAMMA Y SU EFECTO CRUZADO CON CROMO EN *Drosophila melanogaster*

Vidal LM^{1.}, Pimentel E^{1*}, Cruces MP¹, Sánchez-Meza JC²

¹Departamento de biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, Ocoyoacac, Estado de México.

²Facultad de Química, Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, México. emilio.pimentel@inin.gob.mx

Los efectos biológicos de la radiación ionizante dependen de varios factores tales como la dosis y la razón de dosis (RD). Esta última se define como el tiempo en el que se administra una dosis determinada de radiación. El efecto de la RD ha sido estudiado principalmente utilizando sistemas *in vitro*, a partir de estos estudios se ha encontrado que entre más alta la sea la RD, los efectos biológicos detrimentales son mayores. Entonces, desde el punto de vista toxicológico las RD bajas podrán tener efectos benéficos en un sistema *in vivo*. El presente estudio tuvo como fin evaluar el potencial radioprotector de dos RD bajas de rayos gamma y su efecto cruzado con el trióxido de cromo (CrO₃). Para tal efecto se utilizó la prueba de mutación y recombinación somática en el ala de *Drosophila*. Se trataron larvas de 48 horas de edad, descendientes de la cruce estándar *mwh/mwh X flr³/In* (3LR) TM3; *Ser* con 0, 0.5 ó 1 Gy de rayos gamma, administradas a 5.4 ó 34.3 Gy/h o de 0, 0.037, 0.075, 0.15 y 0.30 mM de CrO₃ como dosis acondicionadoras. Después se expusieron a dosis reto de 20 Gy a 907.72 Gy/h ó 1 mM de CrO₃. Los adultos emergidos se contaron diariamente para medir su tasa de desarrollo y viabilidad larva-adulto (LA) y se fijaron en una solución al 70 % de OH para su análisis genotóxico en las alas. Los resultados indicaron que los tratamientos no afectaron la viabilidad LA. Se encontró que las RD bajas provocaron una disminución del daño genético inducido por la dosis alta reto de radiación, cromo y viceversa. Con estos resultados se puede concluir que las RD bajas probadas actuaron como radioprotectoras, no obstante la protección inducida por las dosis bajas de CrO₃, fueron más efectivas reduciendo, en magnitud, el daño genético inducido por ambos agentes. Tomando en cuenta todos los resultados, se demostró un efecto cruzado de protección.

CNG2018 018**EVIDENCIA DEL EFECTO RADIOPROTECTOR DEL ÁCIDO ASCÓRBICO DEPENDIENTE DE LA RAZÓN DE DOSIS**González-Herrera E², Cruces Martínez M^{1*}, Pimentel Peñaloza E¹
Sánchez Nava P²¹Departamento de Biología. Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. Carretera México-Toluca S/N. La Marquesa Ocoyoacac, México 52750.²Universidad Autónoma del Estado de México Toluca, México.
marthapatricia.cruces@inin.gob.mx

Los efectos perjudiciales de la radiación ionizante en los sistemas biológicos se producen esencialmente a través del depósito directo de energía en las moléculas o bien, mediante la generación de radicales libres. Los seres humanos están constante e inevitablemente expuestos a diversas fuentes de radiación tanto de origen natural como artificial y aquellos que se utilizan en los sectores de energía, industria y salud, principalmente para el diagnóstico y tratamiento médico. Por lo anterior es necesario identificar agentes que reduzcan el daño producido por la radiación sobre todo aquellos de origen natural que pueden funcionar como antioxidantes y/o radioprotectores. Por otra parte, diversos estudios han evidenciado el papel del ácido ascórbico (Aa) como antioxidante, sin embargo, existen factores que pueden modificar su efecto como su concentración y la presencia de metales de transición. Aunque tradicionalmente se ha considerado que los efectos biológicos de la radiación están en función directa con la dosis y la velocidad a la que ésta se administra, aún existe controversia al respecto. El objetivo de la presente investigación fue evaluar el efecto radioprotector del Aa sobre dos razones de dosis (RD) de radiación gamma. Se evaluó la viabilidad larva-adulto, la velocidad de desarrollo y la genotoxicidad, esta última con la prueba de mutación y recombinación somáticas en el ala de *Drosophila*. Larvas de 48 h de edad procedentes de la cruce estándar *mwh/mwh x flr³/In* (3LR) TM3; *Ser*, fueron tratadas durante 24 h con 25, 50 y 100 mM de Aa. Concluido el pretratamiento las larvas se irradiaron con 20 Gy de rayos gamma administrados a 36 ó 960 Gy/h. Los resultados mostraron un efecto radioprotector del Aa en todos los tipos de manchas cuando la radiación reto fue administrada a 36 Gy/h. Solo la concentración de 25 mM disminuyó la frecuencia de mutación somática cuando se administró a 960 Gy/h, sin embargo, también fue el tratamiento con tendencia a ser más tóxico. Los resultados demuestran una clara protección del Aa relacionada con la RD, lo que resalta la importancia de evaluar las condiciones bajo las que el Aa puede actuar como antioxidante o como prooxidante.

CNG2018 019**EVALUACIÓN DEL EFECTO EMBRIOTÓXICO Y TERATOGÉNICO DE LA BEBIDA ENERGÉTICA RED BULL EN UN MODELO *IN VIVO* DE *Drosophila melanogaster***

Hernández-Calderón MLL*, Martínez-Mendoza N, Díaz Barriga-Arceo S

Laboratorio de Citogenética Humana, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, Campo 1.
UNAM. Av. 1º de Mayo S/N Cuautitlán Izcalli, Estado de México.
fesc.llasbeth@gmail.com

Las bebidas energéticas son esencialmente no alcohólicas, contienen taurina, cafeína, glucuronolactona, inositol y complejo de vitamina B. Algunas contienen minerales y carnitina, otras contienen azúcar a una concentración del 12-14% y el resto están formuladas sin azúcar. Una lata de alguna bebida energética en promedio contiene 80 mg de cafeína (y hasta 141 mg), que corresponde o en ocasiones excede el contenido de cafeína en una taza de café. Algunas contienen además cacahuates, guaraná, yerbabuena, etc., que contribuyen a elevar el contenido de cafeína, hasta 300 mg. Actualmente el consumo de estas bebidas se ha extendido considerablemente sobre todo en jóvenes en edad reproductiva, es por esta razón que la presente investigación se plantea el objetivo de estudiar el efecto embriotóxico y teratogénico que la bebida energética Red Bull pudiera tener sobre un modelo *in vivo* de *Drosophila melanogaster*. Para tal fin, se establecieron los siguientes lotes de trabajo los cuales contaron con 20 larvas de tercer estadio cada uno y se realizaron por quintuplicado: lote control negativo: solución conservadora; lote control positivo: metotrexato a 15 ppm; lotes problema: Red Bull presentación clásica, desgasificado a las concentraciones de 75, 50, 25 y 12.5%. Una vez eclosionados los adultos expuestos a cada uno de los lotes de trabajo (generación parental, P) se seleccionaron 5 machos y 5 hembras y se cruzaron (empleando medios a base de solución conservadora) para analizar la primera generación filial (F1). Los parámetros evaluados fueron el número de imagos que emergieron de la generación P y la F1 y las malformaciones congénitas que presentaron estos organismos. Los resultados mostraron que si bien el Red Bull no afecta la viabilidad de las moscas de manera significativa sí aumentó la frecuencia de malformaciones congénitas tanto en la generación parental como en la F1, específicamente a las concentraciones de 12.5 y 50% en las que se vio afectada principalmente la población de hembras a nivel abdominal, lo que nos lleva a pensar en posibles mutaciones en los genes que determinan la constitución de los ejes principales de desarrollo de *Drosophila*, específicamente del eje anteroposterior, los llamados genes maternos.

CNG2018 020

EL POLIMORFISMO *rs1800435 (G177C)* DEL GEN *ALAD* COMO FACTOR DE RIESGO PARA INTOXICACIÓN POR PLOMO Y PREECLAMPSIA

La-Llave-León O^{1*}, Salas-Pacheco JM¹, Salvador-Moysen J¹, García-Vargas G², Pérez-Morales R³, Castellanos-Juárez FX¹, Sandoval-Carrillo A¹, Esquivel-Rodríguez E⁴, Duarte-Sustaita J², Méndez-Hernández E¹

¹Instituto de Investigación Científica. Universidad Juárez del Estado de Durango, Avenida Universidad esq. con Volantín, Zona Centro, C.P. 34000, Durango, Dgo,

²Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Juárez del Estado de Durango,

³Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Juárez del Estado de Durango,

⁴Facultad de Enfermería y Obstetricia, Universidad Juárez del Estado de Durango.
ollave56@yahoo.es

La exposición a tóxicos ambientales, como el plomo, se ha asociado con algunas complicaciones del embarazo como abortos y preeclampsia. Existe evidencia sobre la influencia de ciertos genes en la absorción y distribución del plomo en el organismo. Un gen implicado en la susceptibilidad a la toxicidad del plomo es *ALAD*, el cual codifica la ácido δ -aminolevulínico deshidratasa, una enzima que cataliza el segundo paso en la síntesis del grupo hemo en los eritrocitos. En algunas poblaciones se ha encontrado asociación entre el polimorfismo *rs1800435 (G177C)* del gen *ALAD* y los niveles de plomo en sangre (NPS). Por su participación en mecanismos que desencadenan estrés oxidante, este polimorfismo podría estar involucrado también en los mecanismos explicativos de la fisiopatología de la preeclampsia; un síndrome que causa entre 70,000 y 80,000 muertes maternas cada año en el mundo. Para la posible asociación de este polimorfismo con los NPS y con la preeclampsia se realizó un estudio de casos y controles anidado en una cohorte de 462 mujeres embarazadas del estado de Durango. Durante el seguimiento, 63 mujeres sufrieron preeclampsia (casos) y fueron seleccionadas al azar 252 controles (cuatro por cada caso). Se determinó NPS por espectrofotometría de absorción atómica con horno de grafito y se realizó la genotipificación por PCR en tiempo real con sondas TaqMan. Las frecuencias genotípicas en la cohorte fueron de 0.92 para el homocigoto silvestre GG (*ALAD1-1*); 0.07 para el heterocigoto GC (*ALAD1-2*) y 0.01 para el homocigoto mutado CC (*ALAD2-2*). La prueba *t* de Student mostró NPS más altos en las portadoras del alelo polimórfico en comparación con el genotipo homocigoto silvestre (3.07 ± 5.20 $\mu\text{g/mL}$ vs 1.94 ± 2.38 $\mu\text{g/mL}$; $p = 0.037$). Aunque el porcentaje de preeclampsia fue mayor entre las portadoras del alelo polimórfico (12.7% vs 6.3%), el análisis de regresión logística no mostró asociación entre el polimorfismo y la preeclampsia [OR = 2.15, IC 95% (0.87 - 5.27); $p = 0.096$]. Los resultados sugieren la necesidad de realizar más investigación sobre la posible asociación entre este polimorfismo y el riesgo de sufrir preeclampsia.

CNG2018 021**ENSAYO DE MUTACIÓN Y RECOMBINACIÓN SOMÁTICA CON MUESTRAS DE AGUA DEL BORDO LA ESTANZUELA**

Ascencio-Gorozpe D, Aguilar-Niño M, Rodríguez-Arnaiz R, Flores-Loyola CM, Castañeda-Sortibrán A*

Laboratorio de Genética y Evolución, Facultad de Ciencias. UNAM.
Circuito Exterior S/N, Coyoacán, Cd. Universitaria, 04510 Ciudad de México, CDMX
nitxin@ciencias.unam.mx

El Bordo la Estanzuela del Estado de Hidalgo, es una presa que abastece de agua al Municipio de Mineral del Chico y a algunas colonias de Pachuca. Se ubica en una latitud de 2.16° y una longitud de -98.76°. En este sitio se ha reportado una alta cantidad de sólidos inorgánicos (315.9 mg/L) que sobrepasan el valor establecido por la Norma Oficial Mexicana, NOM-001-SEMARNAT-1996. En el presente trabajo se realizó el ensayo de mutación y recombinación somática (SMART) en alas de *Drosophila melanogaster* para evaluar la posible genotoxicidad del agua del Bordo la Estanzuela. Se realizaron tres muestreos de agua tanto superficial como a un metro de profundidad, en los meses de junio y octubre de 2017, y abril de 2018, en todos los casos se recolectaron 1000 mL. El ensayo SMART evalúa la pérdida de la heterocigosis ocasionada por agentes genotóxicos, por medio de mutaciones observables en el ala: flr3 (tricomas en forma de flama) y mwh (tricomas múltiples). Se realizaron dos tipos de cruza: la estándar ($\text{♀flr}^3 \times \text{♂ mwh}$) y la de alta bioactivación ($\text{♀ORR-flr}^3 \times \text{♂ mwh}$), esta última es más sensible a los agentes genotóxicos debido a la sobreexpresión de los citocromos P450. Las larvas se sometieron a dos concentraciones de agua (100% y 50%), después de 7 días se obtuvieron a los adultos, se realizaron laminillas de las alas y se observaron al microscopio, se registró la aparición de alguna de las manchas producto de las mutaciones y/o de la recombinación mitótica. Después del análisis estadístico, se encontraron, para el primer muestreo, resultados negativos e inconcluyentes en la cruce estándar, en tanto que en la cruce de alta bioactivación fueron positivos en la concentración de 50 y 100% de agua superficial, así como en agua profunda. Con estos resultados podemos concluir que el agua de la presa Estanzuela resultó ser genotóxica en el ensayo SMART en *Drosophila melanogaster*. Aunque los metales pesados están presentes en concentraciones superiores a la NOM habría que realizar una HPLC para establecer cuáles son los componentes presentes en esta mezcla compleja.

CNG2018 022**POLIMORFISMOS NULOS DE LOS GENES *GSTT1* Y *GSTM1* Y ENFERMEDAD DE PARKINSON**

Alvarado-Retana KM, Salas-Pacheco SM, Antuna-Salcido EI, Sandoval-Carrillo AA, Castellanos-Juárez FX, Méndez-Hernández EM, La Llave-León O, Salas-Pacheco JM*

Instituto de Investigación Científica UJED.
Av. Universidad esq. con Volantín Col. Centro CP 34000. Durango, Dgo., México
*jsalas_pacheco@hotmail.com

La enfermedad de Parkinson (EP) es una patología neurodegenerativa que afecta aproximadamente al 3% de la población mundial, es multifactorial. Diversos estudios han asociado factores genéticos y ambientales con el desarrollo de la EP. Las Glutathion S Transferasa (GST) son una familia de enzimas que intervienen tanto en el metabolismo de toxinas como en la desintoxicación celular lo que hipotéticamente implica una función neuroprotectora. Las GST más ampliamente estudiadas en relación a la EP son la *GSTM1* y la *GSTT1*. Aunque se ha sugerido una asociación entre mutaciones nulas en estos genes y la EP, también hay estudios que sugieren que no existe, por lo que se ha propuesto que dicha asociación dependería de la población analizada. Por tal motivo, el objetivo de este trabajo fue determinar si existe una asociación entre las mutaciones nulas en *GSTT1* y *GSTM1* y la EP en población mexicana. Se llevó a cabo un estudio de casos (75 pacientes con diagnóstico de EP) y testigos (75 individuos sin enfermedad neurodegenerativa) los cuales fueron pareados por edad y género. Se obtuvo DNA de sangre periférica y se realizó la genotipificación por PCR de punto final. Se realizaron las pruebas UPDRS, minimental y Hamilton para evaluar la severidad de la EP, estado cognitivo y depresión, respectivamente. La media de edad tanto para casos como para testigos fue de 70 años. Al comparar los resultados de las pruebas de minimental y Hamilton entre casos y testigos, solo la escala de Hamilton presentó diferencias estadísticamente significativas ($p < 0.001$), siendo mayor en los casos que en los testigos. La media para los casos del UPDRS fue de 66.63. La mutación nula *GSTT1* se presentó en 7 de los casos y 11 de los testigos y la mutación nula en *GSTM1* en 27 de los casos y 26 de los testigos. Al comparar ambos grupos no encontramos diferencias estadísticamente significativas ni para la mutación nula en *GSTT1* ni para *GSTM1* ($p = 0.314$ y $p = 0.864$, respectivamente). En conclusión, los resultados sugieren que no existe asociación entre las mutaciones nulas en *GSTT1* y *GSTM1* y la EP.

CNG2018 023**INCIDENCIA DIFERENCIAL DE SECUENCIAS REPETIDAS EN TÁNDEM DENTRO DE GENOMAS PROCARIONTES EXTREMÓFILOS**Vázquez-López HG¹, Paredes-Arriaga A², Castañeda-Sortibrán AN^{1*}¹Laboratorio de Genética, Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México.²Instituto de Ciencias Nucleares, Universidad Nacional Autónoma de México.
hectorianus1977@gmail.com

Las secuencias repetidas en tándem localizadas en el genoma de los seres vivos son regiones que resultan de procesos de recombinación homóloga y mutación, son elementos que favorecen la variación y fomentan el origen de nuevos genes. Estas secuencias han sido ampliamente estudiadas en eucariontes para analizar la vinculación entre diferentes organismos en una población, o linajes de organismos pluricelulares, entre otros. Sin embargo, estas secuencias no han sido descritas del todo dentro de procariontes debido fundamentalmente a las dificultades en los tiempos de generación tan cortos y a los cambios drásticos en la estructura del genoma por eventos de recombinación y transporte horizontal. Para identificar secuencias repetitivas en tándem, se ha utilizado los genomas reportados en la base de datos del NCBI como genomas completos y un algoritmo que permite reconocer la incidencia de estas secuencias con variaciones en patrones con un porcentaje de indels de hasta un 25%. Se ha estudiado su incidencia dentro de diferentes genomas de organismos hipertermófilos de los órdenes *Aquificales*, *Thermotogales* y de los géneros *Thermus* y *Deinococcus*, así como genomas del dominio Archaea, analizando así representantes de los géneros *Sulfolobus*, *Pyrococcus* y *Thermogladius*. Para el caso de organismos halófilos, se ha intentado analizar a diferentes grupos Bacteria y el orden completo de Halobacteriales del dominio Archaea. Los resultados analizados por scripts de R, nos permiten evidenciar que los genomas de organismos hipertermofílicas presentan un número limitado de repeticiones en su longitud y en el número de repeticiones; a diferencia de los genomas hipertermofílicos arqueobacterianos que presentan una mayor diversidad en el tamaño y en el número de repeticiones, presentándose un aumento de hasta un orden decimal. El caso extremo de esta incidencia lo presentan las especies halófilas, las cuales muestran hasta 60 repeticiones y una amplia gama en patrones. Esto permite evidenciar que tales regiones, al presentarse en estos estilos de vida particulares, presentan tendencias compartidas, superando con ello sesgos previamente reportados dentro de grupos taxonómicos. Todo esto da una pauta para estudiar estas secuencias en el genoma desde un punto de vista estructural y en la diversificación de funciones y metabolismos.

CNG2018 025**CARACTERIZACION DE LAS VARIANTES rs1805386 del gen *LIG4* y rs1805377 del gen *XRCC4* y SU ASOCIACIÓN CON LA PREECLAMPSIA**

Gaytán-Esparza A¹, Sandoval-Carrillo A¹, Antuna-Salcido EI¹, Castellanos-Juárez FX¹, La Llave-León O¹, Méndez-Hernández EM¹, Guijarro-Bustillos J², Salas-Pacheco JM^{1*}

¹Instituto de Investigación Científica-UJED.

Av. Universidad esq. con Volantín. Col. Centro, CP 34000. Durango, Dgo.

²Hospital General de Durango.

Andador Norman F. y Calle 5 De Febrero. Col. Centro, CP 34000. Durango, Dgo.

*jsalas_pacheco@hotmail.com

La preeclampsia (PE), enfermedad exclusiva del embarazo, es una de las principales causas de mortalidad materna en el mundo. Se caracteriza por presión arterial mayor de 140/90 mm/Hg y proteinuria mayor de 0,3 g/l después de las 20 semanas de gestación. Hoy en día se reconoce a la preeclampsia como un desorden placentario que tiene un origen genético multifactorial, es decir, es resultado de la interacción de genes y factores ambientales. A la fecha existen diversos estudios que demuestran que el daño al ADN es más elevado en pacientes con PE. Debido a esto, se ha propuesto que variantes en genes que participan en los procesos de reparación del ADN pueden asociarse a la PE. Por lo antes mencionado, el objetivo principal del presente trabajo fue determinar la asociación entre las variantes rs1805386 del gen *LIG4* y rs1805377 del gen *XRCC4* y la PE en mujeres de Durango. Se llevó a cabo un estudio transversal, observacional de casos y controles. Se incluyeron 155 mujeres con PE y 160 con embarazo normotenso. La genotipificación se realizó mediante PCR en tiempo real. Los controles presentaron una media de edad de 24.52±7.32 años y los casos de 23.53±6.8 años ($p=0.083$). Las medias de semanas de gestación fueron 37.95±3.54 y 35.38±5.30 para los controles y casos, respectivamente ($p<0.001$). El 30% de los controles y el 43.2% de los casos tuvo antecedentes de PE ($p=0.015$). Las frecuencias alélicas y genotípicas para la variante rs1805386 fueron T=0.90, C=0.10, T/T=0.84, T/C=0.11 y C/C=0.05 para los controles y T=0.93, C=0.07, T/T=0.85, T/C=0.14 y C/C=0.01 para los casos. Para la variante rs1805377 fueron G=0.62, A=0.38, G/G=0.37, G/A=0.49 y A/A=0.14 para los controles y G=0.6, A=0.4, G/G=0.4, G/A=0.4 y A/A=0.2 para los casos. No encontramos diferencias estadísticamente significativas para ninguna de las variantes al comparar los grupos. Finalmente, se estimó la OR ajustando por edad y semanas de gestación; no encontramos asociación entre las variantes y la PE. En conclusión, nuestros resultados sugieren que en nuestra población, las variantes rs1805386 del gen *LIG4* y rs1805377 del gen *XRCC4* no se asocian con la PE.

CNG2018 026

VALIDACIÓN FENOTÍPICA Y DESARROLLO DE MARCADORES MOLECULARES DE *opaque2* Y *Ask2* PARA EL MEJORAMIENTO ASISTIDO DE MAÍCES DE CALIDAD PROTEÍNICA

Hernández-Rodríguez M¹, Skinner DJ², Palacios-Rojas N², Martins M³, García-Zavala JJ¹, Lobato-Ortíz R¹, Castillo-González F¹, Santacruz-Varela A¹, Yunbi Xu², Prasanna BM², Babu R^{2*}

¹Colegio de Postgraduados. Genética, Campus Montecillo, Km. 36.5 Carretera México-Texcoco, Montecillo Texcoco, Edo. México. C. P. 56230.

²Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), Apdo. Postal 6-641, 06600 México D.F, México.

³Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Am Mühlenberg 1, 14476 Potsdam-Golm, Germany. raman.babu@pioneer.com

La selección asistida por marcadores moleculares en combinación con el mejoramiento genético tradicional es una estrategia que permite acelerar y hacer precisa la selección de genotipos de interés. Los maíces de calidad proteínica (QPM) son cultivares cuyos granos contienen el doble de concentración de lisina y triptófano en comparación con los granos de maíces normales. Aunque el mutante del gen *opaque2* (*o2*) es la causa subyacente de este cambio beneficioso, existen otros genes, como el gen *Aspartate kinase2* (*Ask2*), que también actúan en la cantidad de estos aminoácidos. Mediante el análisis de una población F₂ derivada de la cruce de una línea de maíz no QPM con una línea de maíz QPM, se estudió el sinergismo entre *o2* y *Ask2*. Se encontró que los dos *loci* interactúan y aumentan significativamente el contenido de aminoácidos (particularmente lisina) en el endospermo QPM. La secuenciación de amplicones del *locus o2* en varias líneas de maíz QPM y no QPM condujo a la identificación de un polimorfismo SNP en el primer exón del *locus* que discriminó todos los genotipos QPM ('C') de los no QPM ('T'). La conversión de este polimorfismo a un marcador KASP-SNP junto con un innovador ensayo PCR-SSCP para el *locus Ask2*, permitió la discriminación de los alelos favorables de ambos *loci* en un panel de 88 líneas de maíz desarrolladas por el CIMMYT. Se anticipa que el empleo de estos marcadores moleculares facilitará la selección asistida por marcadores moleculares en los programas de mejoramiento para maíces QPM.

CNG2018 027

EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE Cd, Cr, Pb Y SU MEZCLA EN EL OSTIÓN JAPONÉS *Crassostrea gigas*

Sobrino-Figueroa A¹, Cáceres-Martínez C²

¹Laboratorio Alejandro Villalobos. Departamento de Hidrobiología.
Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco # 186 C.P. 09340
Col. Vicentina Iztapalapa México D.F. D.F.

²Universidad Autónoma de Baja California Sur.
Km 5.5 Carretera al sur, Col. El Mezquitito, La Paz, B.C.S. 23080.
coco@xanum.uam.mx

El ostión japonés es una especie introducida que se cultiva en los sistemas costeros del Pacífico Mexicano. Debido a que en los últimos 10 años las poblaciones en cultivo han tenido problemas de supervivencia, en este trabajo se realizó la evaluación del efecto genotóxico y oxidante del Cd, Cr, Pb y su mezcla en larvas "D" de esta especie, debido a que estos elementos se encuentran en concentraciones elevadas en los sitios donde se cultivan los ostiones. Se realizaron bioensayos con una duración de 72 horas donde se expuso a las larvas de ostión a 5 concentraciones de los metales y de sus mezclas en proporción: 1:1. Con los datos obtenidos se calculó la CL₅₀ y con los organismos supervivientes se realizó la evaluación de 2 biomarcadores: se midió el grado de lipoperoxidación (Tbars) y el daño genético (Ensayo Cometa). La toxicidad de los metales de acuerdo a los valores de CL₅₀ calculados fue: (del más al menos tóxico): Pb = Cd > Cr. La mezcla de metales más tóxica fue la Cd + Cr. La prueba de Kruskal-Wallis indicó que existen diferencias significativas en el grado de lipoperoxidación y daño genético entre los organismos expuestos y el grupo control. El metal con el mayor efecto oxidante fue el Cromo (32 ± 8.97 nM Tbars mg⁻¹). Y la mezcla de metales: Cd + Cr + Pb (45 ± 11.89 nM Tbars mg⁻¹). En la evaluación de genotoxicidad se observó que el Cadmio tuvo el efecto más alto (91 % de células con daño) y el Plomo el más bajo (43 %). Los resultados de este estudio demuestran que el Cd, Cr y Pb en concentraciones subletales tienen efectos deletéreos en las larvas "D" de *Crassostrea gigas*.

CNG2018 028**DETERMINACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE CONTAMINANTES EMERGENTES EN EL PEZ CEBRA *Danio rerio***

Ruiz Narváez LI, Sobrino-Figueroa A

Laboratorio Alejandro Villalobos. Departamento de Hidrobiología. Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco # 186 C.P. 09340 Col. Vicentina Iztapalapa Ciudad de México.
coco@xanum.uam.mx

Los contaminantes emergentes son compuestos químicos, farmacéuticos y principalmente productos de cuidado personal, que se han encontrado en concentraciones de 0.001 a 500 mg en las aguas de las plantas de tratamiento y en los sistemas naturales. Existe una limitada información sobre el efecto que tienen estos contaminantes en los organismos que habitan en los sistemas acuáticos, por esta razón, en este estudio se evaluó el efecto genotóxico y oxidante de dos detergentes líquidos (Ariel y Más Color) y 2 suavizantes de ropa (Downy y Suavitel) en el pez cebra *Danio rerio*. Se realizaron bioensayos con duración de 15 días donde se expuso a adultos de pez cebra a una concentración subletal (1 mg/L) de detergentes y suavizantes. Al final del periodo de exposición se evaluó el grado de lipoperoxidación (Tbars) y la frecuencia de micronúcleos para evaluar la genotoxicidad, en el tejido de branquia de los peces. En los resultados obtenidos se observó que existen diferencias significativas en el grado de lipoperoxidación y daño genético entre los organismos expuestos y el grupo control (Kruskal-Wallis). Los productos más tóxicos fueron el detergente Ariel y el suavizante Suavitel, siendo estos mismos los que presentaron el mayor efecto oxidante (Ariel=4.54, Suavitel=3.13 nM Tbars mg⁻¹) en comparación con los otros productos probados. En la evaluación de la frecuencia de micronúcleos se observó un mayor número de éstos en los peces expuestos al detergente Ariel (8.2%) y en el producto Suavitel (4.1%). Los resultados indicaron que todos los productos probados causaron efectos deletéreos en los peces en concentraciones subletales.

CNG2018 029

EVALUACIÓN DE MICRONUCLEOS EN BRANQUIA DEL PEZ *Mugil cephalus* COMO MARCADOR DE CONDICIONES AMBIENTALES

Sobrino-Figueroa A¹, Olivares Eslava M, Ibáñez Aguirre AL²

¹Laboratorio Alejandro Villalobos.

²Laboratorio de Ecofisiología y Biología Pesquera. Departamento de Hidrobiología. Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco # 186 C.P. 09340 Col. Vicentina Iztapalapa Ciudad de México.
coco@xanum.uam.mx

La Lisa (*Mugil cephalus*) se considera una especie cosmopolita porque habita en la zona costera del Atlántico y del Pacífico, en las regiones tropicales y subtropicales. Debido a su amplia distribución y a que esta presente en los sistemas estuarinos se podría utilizar como una especie indicadora de condiciones ambientales. En este trabajo se realizó una evaluación de la frecuencia de micronúcleos en las branquias de *Mugil cephalus*, para evaluar el uso de esta especie en estudios de biomonitoreo ambiental. Se colectaron organismos en los siguientes sistemas costeros: Laguna de Alvarado Veracruz, Laguna de Tamiahua Veracruz, frente a Sisal Yucatán, y en las Lagunas Inferior y Superior en Oaxaca. Se tomaron muestras de branquias de 10 organismos, se fijaron con una mezcla de alcohol-ácido acético, se hicieron 4 preparaciones por cada organismo y se tiñeron con Giemsa para su análisis. Se contaron 1000 células de cada preparación (en total hasta 4000 células por organismo). Posteriormente se realizó un análisis de correlación con los niveles de contaminación de metales y HAPs de los sitios de colecta. El sitio donde se obtuvo la muestra con la mayor frecuencia de micronucleos fue la laguna de Tamiahua Veracruz (1.36%) y en donde se tuvo la menor frecuencia fue en Sisal Yucatán (0.06%). Se observaron diferencias significativas en las frecuencias de micronucleos de los diferentes lugares de colecta. Los resultados de la evaluación de micronucleos concuerdan con los niveles de contaminación de los sitios de colecta. *Mugil cephalus* es una especie que podría proponerse como especie idónea para los estudios de biomonitoreo.

CNG2018 030**EFFECTO GENOTÓXICO DE 3 ANALGÉSICOS ANTIINFLAMATORIOS NO ESTEROIDEOS (AINES) EN LA RANA AFRICANA *Xenopus laevis***Sobrino-Figueroa A¹, Nava Serrano S¹, Hernández Álvarez S²¹Laboratorio Alejandro Villalobos.²Laboratorio de Ficología aplicada. Departamento de Hidrobiología.
Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco # 186 C.P. 09340
Col. Vicentina Iztapalapa Ciudad de México.
coco@xanum.uam.mx

Los AINES son los fármacos que más se consumen mundialmente, debido a que se usan para remediar el dolor de grado leve a medio y son de venta libre. Están presentes en los efluentes de hospitales y se ha demostrado que no se degradan en los sistemas de tratamiento de aguas, por esta razón se han detectado en aguas superficiales en concentraciones de 6.5 ng/L a 10 µg/L. Debido a que no se conocen sus efectos en organismos acuáticos en este trabajo se evaluó el efecto oxidativo y genotóxico de 3 analgésicos: el naproxeno, el paracetamol y el ácido acetilsalicílico, en la rana africana *Xenopus laevis*. Se obtuvieron ejemplares de *X. laevis* por donación. Se mantuvieron en el laboratorio en las siguientes condiciones: temperatura 23 °C, fotoperiodo: 16 horas luz/8 horas oscuridad, 160 mg de dureza del agua. Con juveniles de 5 cm de longitud se realizaron bioensayos donde se expuso a 6 organismos a una concentración subletal de los fármacos (CL₁) durante 15 días. Se tomaron muestras de sangre para la evaluación de micronúcleos y de piel para la determinación de lipoperoxidación (Tbars). Se realizó una prueba de "t" entre el control y los organismos expuestos para detectar las diferencias en las respuestas a los fármacos. En los resultados obtenidos se observaron diferencias significativas entre el control y los organismos expuestos a los AINES. Los 3 fármacos tuvieron efectos genotóxicos. La mayor frecuencia de micronúcleos se obtuvo en las pruebas con el paracetamol (4.2%) y la menor frecuencia en las pruebas con el ácido acetilsalicílico (2.5%). El analgésico con mayor efecto oxidante fue el paracetamol (12.6 nM Tbars mg⁻¹) (control = 0.94 nM Tbars mg⁻¹). Es importante realizar más estudio del efecto de estos compuestos en los sistemas acuáticos, para reducir el riesgo en que pueden estar los organismos expuestos de manera crónica a estos fármacos.

CNG2018 032

DIAGNÓSTICO DEL GÉNERO *Rickettsia* POR PCR EN TIEMPO REAL EN GARRAPATAS PARASITARIAS DEL PERRO (*Canis lupus familiaris*), EN CIUDAD VICTORIA, TAMAULIPAS, MÉXICO

Horta VR², Brussolo-Ceballos RM*^{1,2}, Horta-Vega JH²

¹Laboratorio de Biología Molecular, Laboratorio Estatal de Salud Pública de Tamaulipas. 87120, Centro Educativo Cultural, Lic. Adolfo López Mateos S/N Col. Pedro Sosa, Cd. Victoria, Tamaulipas, México.

²Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria, Tamaulipas. 87010, Boulevard Emilio Portes Gil #1301 Pte. A.P. 175 Cd. Victoria, Tamaulipas, México.
rmbussolo@gmail.com

La bacteria *Rickettsia* sp. es el agente etiológico de la fiebre manchada de las montañas rocosas (FMMR) enfermedad que se caracteriza por provocar temperaturas altas exantemáticas, falla renal aguda y en ocasiones sepsis severa (últimos dos síntomas en niños). La FMMR es contagiada por mordedura de garrapata, y en México un vector importante es la especie *Rhipicephalus sanguineus*, ya que está principalmente asociado a animales de compañía, y ocasionalmente a humanos. A partir del año 2009, se registró un incremento en la incidencia de enfermedades contagiadas por garrapatas en humanos en el noreste de México, particularmente de infecciones por *Rickettsia*. Y a su vez aumentaron en canes las fiebres de origen desconocido que responden a tratamiento antibiótico. Generalmente en el diagnóstico se “enmascaran” estas fiebres como dengue ya que las manifestaciones clínicas de éste y de las fiebres manchadas son similares, aunado a que la incidencia de dengue en México es mayor. Por lo anterior cabe la posibilidad de que la ocurrencia de la enfermedad sea más alta a la documentada. El objetivo de este estudio fue determinar si *Rickettsia* se encuentra presente en el vector en Ciudad Victoria, Tamaulipas. Las muestras de garrapatas se obtuvieron muestreando a 27 perros parasitados que fueron ingresados en clínicas veterinarias en la zona urbana de la ciudad. Estas se preservaron en alcohol etílico al 70%. Para la extracción del ADN, se utilizó el QIAamp DNA Mini Kit de QIAGEN. La identificación de la bacteria se realizó por PCR en tiempo real mediante la detección del gen citrato sintetasa como blanco, región altamente conservada del genoma. El control positivo fue donado por el Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos. Se efectuó el trabajo en el Laboratorio Estatal de Salud Pública de Tamaulipas. Todas las muestras de garrapatas resultaron negativas a *Rickettsia*, lo que indica que en la población muestreada no se encontraba presente la bacteria, sin embargo debido al incremento que se ha dado en otros estados del país de esta enfermedad es recomendable incrementar el tamaño de la n de este estudio, y ampliarlo muestreando en otras localidades del estado.

CNG2018 033

**EFFECTO CITOGENÉTICO DEL CAMPO MAGNÉTICO INDUCIDO POR
IMÁN DE FERRITA SOBRE LINFOCITOS HUMANOS *IN VITRO***

Ortega-García AL¹, Sánchez-Alarcón J^{2,3,4}, Salvador-Muñoz A^{1,3},
Pérez-González LC^{2,3}, Pérez-Flores GA^{2,3,4}, Hueletl Soto ME^{2,3},
Valencia-Quintana R^{2,3,4*}

¹Licenciatura en Naturopatía, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala.

²Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala.

³Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala.

⁴Cuerpo Académico Ambiente y Genética UATLX-CA-223

*prvq2004@yahoo.com.mx

La interacción de los campos magnéticos con los seres vivos es un campo de investigación que está creciendo rápidamente. Los efectos biológicos de éstos no se conocen bien. Durante la última década, se han planteado preguntas sobre su relación con efectos adversos para la salud. Se ha propuesto que la exposición a estos campos puede aumentar la actividad, la concentración y el tiempo de vida de los radicales libres, que pueden causar estrés oxidante, alteraciones genéticas y / o apoptosis. Aunque las personas han estado usando la imanoterapia para fines curativos sin alguna evidencia científica, tampoco se han evaluado problemas significativos con respecto a sus efectos secundarios potenciales. Con el propósito de evaluar las propiedades genotóxicas de los campos magnéticos, sangre periférica de dos donadores sanos fue expuesta *in vitro* por 10, 20, 40 y 60 min a la acción de imanes de ferrita (dona, oblea y dominó). El ensayo cometa fue usado para determinar el daño al DNA. El testigo negativo no fue sometido a la acción de ningún imán y como testigo positivo se empleó H₂O₂. Se analizaron 100 núcleos al azar por cada muestra, en un experimento y su repetición. El daño al ADN, se evaluó determinando el porcentaje de núcleos con cometas y clasificándolos en diferentes niveles de daño, de acuerdo con la longitud de la cauda, para determinar el índice de daño total. Los resultados obtenidos muestran una correlación positiva entre el tiempo de exposición y el daño al ADN, dependiendo del tamaño y forma del imán. El porcentaje promedio de núcleos con cometa, fue de 3.33, 21, 16 y 29 % con 10, 20, 30 y 40 min de exposición respectivamente, contrastando con 2 y 46 % encontrados en el testigo positivo y negativo. Por otra parte, el índice de daño total fue de 51,105.67, 129.33 y 145.33, para los diferentes tratamientos y fueron comparados con los 23 del testigo negativo y 149 del testigo positivo. Por lo anterior es importante considerar medidas de protección adecuadas para disminuir el riesgo de daño al ADN por la exposición a campos magnéticos.

CNG2018 034

DAÑO AL DNA INDUCIDO POR INSECTICIDAS ORGANOFOSFORADOS EN *Vicia faba*

Cortés-Eslava J*¹, Carballo-Gómez O¹, Gómez-Arroyo S¹,
Flores Márquez AR¹, Valencia-Quintana R²

¹Laboratorio de Genotoxicología y Mutagénesis Ambientales, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México. Circuito Exterior, Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, Ciudad de México.

²Laboratorio Rafael Villalobos Pietrini de Toxicología Genómica y Química Ambiental. Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Autopista San Martín-Tlaxcala Km. 10.5 S/N, Ixtacuixtla Tlax., C.P. 90120.
jcortes@atmosfera.unam.mx

La exposición accidental a diferentes xenobióticos ambientales o deliberada, como es el caso de los plaguicidas, constituye un peligro potencial para el ambiente y la salud humana. No obstante sus beneficios en la producción agrícola, debe considerarse estudiar el posible efecto en los organismos dado el incremento de su uso. Los daños causados por dichos compuestos, tales como su efecto genético, han llevado al empleo de biomarcadores que permiten analizar su potencial genotóxico, las plantas son un modelo muy adecuado para este propósito dada su economía, facilidad de manejo, ciclo de vida corta y gran reproducibilidad. Con el objetivo de evaluar el daño al DNA de las células meristemáticas de la raíz del haba (*Vicia faba*) mediante la prueba de micronúcleos (MN), se sometieron raíces secundarias de 2 a 3 cm a: 5, 25 y 50 ppm de los insecticidas organofosforados Gusatión, Volatón, Metasistox, Folidol y Tamarón durante 4 horas (a 21°C en oscuridad), el testigo negativo se mantuvo en agua destilada y el positivo en dicromato de potasio 0.005 M. Posteriormente, se dejaron en recuperación por 26 horas. Las raíces tratadas, se fijaron en etanol-ácido acético (3:1), se rehidrataron en etanol 70 % por 15 minutos y se hidrolizaron con HCl 5 N a 28 °C, se tiñeron con reactivo de Schiff durante 25 minutos. Se realizó el aplastamiento en monocapa "squash" con ácido acético al 45%. Las preparaciones se montaron con resina sintética Entellan previa congelación con nitrógeno líquido y deshidratación con butanol. Se reetiquetaron para observar al microscopio. Todos los plaguicidas excepto el Folidol, indujeron daño significativo al DNA en las concentraciones probadas a $p < 0.0001$, evidenciado por una elevada frecuencia de MN en una relación concentración-efecto. Los resultados permiten concluir que estas sustancias ocasionan daño al DNA de *V. faba* que provocó rompimientos cromosómicos, cromosomas con el centrómero inactivado o isocromosomas, que en células en interfase se expresan como micronúcleos y que, a mayor concentración, las alteraciones son más frecuentes, con lo cual se valida a *Vicia faba* como un buen sistema para detectarlas y evaluar el efecto genotóxico de estos insecticidas.

CNG2018 035

EVALUACIÓN DEL POTENCIAL GENOTÓXICO DEL SULFATO DE COBRE EN LA RAÍZ DE *Vicia faba*

Cortés-Eslava J^{1*}, Gómez-Arroyo S¹, Rocha Sánchez CA²,
Flores-Márquez AR¹, Valencia-Quintana R³

¹Laboratorio de Genotoxicología y Mutagénesis Ambientales,
Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM. Circuito Exterior, Ciudad Universitaria,
Coyoacán 04510, México D.F.,

² Escuela Nacional Preparatoria No. 8 "Miguel E. Schultz", UNAM,

³Laboratorio "Rafael Villalobos Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental,
Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Autopista San Martín-
Tlaxcala Km. 10.5 s/n, Ixtacuixtla Tlax., C.P. 90120.

*jcortes@atmosfera.unam.mx

La agricultura ecológica utiliza recursos naturales, sin emplear productos químicos sintéticos u organismos modificados genéticamente para obtener alimentos orgánicos respetando el ambiente. El sulfato de cobre es utilizado para la prevención y eliminación de hongos que atacan a las plantas y algas en piscinas. Es un componente junto con el hidróxido de calcio del caldo bordalés usado en la agricultura ecológica. El ensayo cometa, es un método adecuado para el estudio del daño y reparación del DNA. Se caracteriza por su sencillez, sensibilidad, versatilidad, rapidez y economía. Con el objetivo de evaluar el potencial genotóxico del sulfato de cobre en el haba (*Vicia faba*) mediante el ensayo cometa, se expusieron las raíces a 1.5, 3.0 y 6.0 ppm por dos horas. El testigo negativo se mantuvo en agua destilada y el positivo en dicromato de potasio 0.05 M. Los núcleos aislados en amortiguador frío, se colocaron con agarosa de punto de fusión bajo en portaobjetos pre-cubiertos con agarosa, solidificando en frío, se aplicó otra capa de agarosa y se sometieron a lisis al menos una hora. Se incubaron en amortiguador alcalino frío (pH>13) por 20 minutos y por otros 20 se corrió la electroforesis. Se neutralizaron y fijaron con etanol 100%; tiñéndose con bromuro de etidio, se analizaron al microscopio de fluorescencia con el programa Comet Assay IV. Se registró el momento de la cauda de 50 núcleos en tres preparaciones por concentración. Se aplicó un análisis de varianza y la prueba de comparación múltiple de Newman-Keuls, las diferencias significativas (P<0.001), mostraron el efecto genotóxico causado por el sulfato de cobre en las tres concentraciones probadas, evidenciado por el incremento en el momento de la cauda de los cometas observados en una relación concentración-respuesta. Los estudios realizados con este compuesto para evaluar genotoxicidad son escasos, por lo que esta contribución es relevante. Se concluye la capacidad del sulfato de cobre para inducir daño al DNA en células de *Vicia faba*, confirmando la utilidad de las plantas en estudios de toxicología ambiental. Agradecimientos al PAPIIT, por el apoyo al proyecto IN112517.

CNG2018 038

ESTUDIO DEL EFECTO GENOTÓXICO Y CITOTÓXICO DEL VENENO DE LAS SERPIENTES *Ophryacus smaragdinus* Y *Ophryacus sphenophrys* EN RATÓN

Pineda-Cruces RN⁴, García-Melo LF^{1,4}, Valdes-Arellanes MT^{1,2}, Cervantes-Santos DM¹, Ortega-Hernández G, Alagón-Cano A², Lomonte-Vigliotti B³, Álvarez-González I^{1*}, Madrigal-Bujaidar E^{1*}

¹Laboratorio de Genética, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional.

²Instituto de Biotecnología de la Universidad Nacional Autónoma de México.

³Facultad de Microbiología, Universidad de Costa Rica

⁴Laboratorio de Nanotecnología e Ingeniería Molecular, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa.

*eduardo.madrigal@lycos.com, *isela.alvarez@gmail.com

El género endémico de México *Ophryacus* está constituido por tres especies; *O. undulatus*, *O. sphenophrys* y *O. smaragdinus*. La principal característica que tienen son las escamas supraoculares. Este género pertenece a la familia Viperidae y se encuentra distribuido en Hidalgo, Veracruz, Guerrero y Oaxaca. El número de organismos en su estado natural, así como la información sobre su biología y aspectos ecológicos son limitados. En relación a la composición y efecto del veneno la información es nula, es por esto la importancia del presente estudio, en el cual se evaluó el efecto genotóxico y citotóxico de los venenos de *O. sphenophrys* y *O. smaragdinus* en un modelo *in vivo*. La determinación de la capacidad genotóxica y citotóxica se realizó mediante el ensayo de micronúcleos en ratón, se utilizaron 5 grupos administrados vía intravenosa; 2 grupos testigo, es decir 1 negativo con 0.5 mL de PBS y otro positivo con doxorubicina; en los tres grupos restantes se evaluaron los venenos, las dosis para *O. sphenophrys* fueron 0.08, 0.25 y 0.50 mg/kg; y para *O. smaragdinus* fueron de 0.13, 0.40 y 0.80 mg/kg. El veneno de *O. sphenophrys* no presentó efecto genotóxico debido a que no induce formación de micronúcleos. Por el contrario, el veneno de *O. smaragdinus* en las 3 dosis si presentó un efecto genotóxico, dado que aumentó la formación de micronúcleos en relación al testigo negativo. Para el efecto citotóxico el veneno de *O. sphenophrys* no lo presentó, puesto que no se vio afectada la proliferación celular. Sin embargo, en el caso de *O. smaragdinus* las tres dosis produjeron dicho efecto citotóxico, puesto que la proporción de eritrocitos policromáticos presentes en 1000 células eritrocitarias totales fue menor que en el control negativo.

CNG2018 039**SUSCEPTIBILIDAD A CARIES POR LOS POLIMORFISMOS DE GSTT1, GSTM1 Y GSTP1**Campos-Díaz A¹, Hurtado-Sánchez Q², Montenegro-Morales LP²,
Castillo-Cadena J^{2*}¹Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de México.²Centro de Investigación en Ciencias Médicas, Universidad Autónoma del Estado de México.
Jesús Carranza 205, Col. Universidad, Toluca, México. 50130.
jcastilloc@uaemex.mx

La caries es enfermedad infecciosa, localizada y multifactorial. La cavidad bucal interactúa con diversos xenobióticos, que traspasan la membrana celular del epitelio circundante creando estrés oxidante. Las enzimas codificadas por los genes Glutación S-Trasferasa, catalizan la conjugación del glutatión con los xenobióticos para eliminarlos. La presencia de polimorfismos en estos genes alterar su función, ocasionando susceptibilidad a diferentes enfermedades. El propósito de esta investigación fue determinar los polimorfismos de GSTM1, GSTT1 y GSTP1 y su relación con la caries. Es un estudio transversal. Se invitó a participar a individuos de la comunidad de Toluca, Estado de México. Quienes aceptaron voluntariamente, firmaron el consentimiento informado y proporcionaron datos sobre sus hábitos. Se evaluaron los hábitos higiénicos bucales (HH) mediante el índice simplificado de higiene oral, los hábitos dietéticos (HD), la incidencia de caries por el índice CPOD y se les tomó una muestra de sangre periférica para la identificación de los polimorfismos de GSTT1, GSTM1 y GSTP1 por medio de PCR y PCR-RFLPs. Se tuvieron en total de 64 participantes, 24 hombres y 40 mujeres. El promedio de edad fue de 35.5 ± 10.3 , todos originarios del Estado de México. Los HH 43 (67.2%) tuvieron buenos y 21 (32.8%) con malos hábitos, con un índice CPOD 5.53 ± 1.63 y 8.05 ± 4.66 respectivamente (*t Student* $p=0.046$). Los HD, 38 (59.4%) informaron una dieta no cariogénica y 26 (40.6%) cariogénica y en ellos el índice CPOD fue de 5.37 ± 1.19 y 7.81 ± 2.22 respectivamente (*t Student* $p=0.043$). El genotipo combinado de los 3 genes que obtuvo el menor índice CPOD fue M1+/+; T1+/+; P1b a/a; P1 a/a (genotipo silvestre) con un índice de 3 y el mayor índice registrado fue de 12, siendo su genotipo M1-/-; T1-/- P1b a/b; P1c a/a (*t Student* $p=0.027$). El análisis de los resultados ratifica que los HB y HD se relacionan con el índice CPOD. Por otro lado, muestran que los genotipos combinados donde existe un polimorfismo en cualquiera de los genes GSTM1, T1 y P1, el índice CPOD tiende a elevarse en comparación con el genotipo combinado en donde todos los genes son silvestres.

CNG2018 040

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ENZIMÁTICA Y EXPRESIÓN GÉNICA DE ALGUNAS ENZIMAS ASOCIADAS A ESTRÉS OXIDANTE Y METABOLISMO XENOBIÓTICO EN DOS CEPAS DE *Drosophila melanogaster*

Contreras-Delgadillo CU, Piedra-Ibarra E, Ponciano-Gómez JA, Heres-Pulido ME, Dueñas-García IE, Palomar-Morales M, Durán-Díaz Á, Santos-Cruz LF*

Facultad de Estudios Superiores Iztacala UNAM. Carrera de Biología.
Av. de los Barrios #1. Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Edo. de México, C.P. 54090.
cristoferfesiunam@gmail.com, neladiaem@gmail.com*

Las especies reactivas de oxígeno (EROs) han sido relacionadas con diferentes patologías, tales como ciertas enfermedades neurodegenerativas y cáncer. Las EROs pueden ser generadas por el metabolismo endógeno o por la exposición a xenobióticos y su regulación intracelular se realiza a través de la activación de enzimas como la Super-Óxido-Dismutasa (SOD) y la Catalasa (CAT), que las convierten en compuestos menos reactivos; además, la Glutación-Transferasa (GST) está asociada con un efecto antioxidante. El objetivo del presente trabajo fue realizar en las cepas flare y Oregon-(R)R-flare de *Drosophila melanogaster* la caracterización de la mencionada actividad enzimática y la expresión génica basal de diez genes codificantes para estas enzimas, que participan en la eliminación de las EROS. Para cuantificar la actividad enzimática de SOD, CAT y GST se trataron larvas de 72 ± 4 h de edad, de ambas cepas, durante 24 h con agua milliQ. Los resultados se analizaron mediante la prueba de ANOVA anidado. Para medir la expresión génica se diseñaron oligonucleótidos para los genes *Sod1*, *Sod2*, *Sod3*, *Cat*, *GstD1*, *GstD2*, *GstD3*, *GstS1-1*, *GstE6* y *GstE7*. Posteriormente, se trataron larvas de 72 ± 4 h, de ambas cepas, con agua milliQ durante 24 h, se obtuvo DNA con la técnica de DNAzol®, se realizó PCR punto final convencional y los productos fueron secuenciados; finalmente se realizó la extracción de RNA por medio de RNAzol®, se obtuvo cDNA mediante RtPCR, y se realizó PCR tiempo real. Los resultados del análisis de la actividad enzimática indicaron diferencias significativas entre ambas cepas, con mayor actividad de SOD y GST en la cepa Oregon-(R)R-flare, y mayor actividad de CAT en la cepa flare. La expresión génica de la cepa Oregon(R)R-flare tuvo mayor expresión de los genes *Cat*, *Sod1* y *GstD1*, mientras que la cepa flare presentó mayor expresión de los genes *GstD2*, *GstD3* y *GstE6*; los genes restantes no presentaron diferencias significativas entre las cepas.

CNG2018 041

ASOCIACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS GENÉTICOS DEL *CYP3A4*, *CYP3A5* Y *ABCB1* CON LA RESPUESTA CLÍNICA A NIFEDIPINO EN MUJERES CON PREECLAMPSIA-ECLAMPSIA

Guerrero Sánchez EA¹, Galaviz Hernández C², Lares Asseff I²,
Lazalde Ramos BP³, Cervantes Flores M⁴, Sosa Macías M^{2*}

¹Programa de Maestría en Biología Molecular, FCQ – UJED.

²Academia de Genómica y Laboratorio de Biología Molecular, CIIDIR Unidad Durango, IPN.

³Unidad Académica de Ciencias Químicas, UAZ. 4) Laboratorio de Inmunología, FCQ – UJED.
sosa.martha@gmail.com

La preeclampsia-eclampsia (PEE) es una enfermedad hipertensiva del embarazo asociada con altas tasas de morbi-mortalidad materno-fetal a nivel mundial. El nifedipino es un fármaco antihipertensivo de primera elección para el tratamiento de la PEE; éste es transportado por la Glicoproteína-P (*Pgp*; *ABCB1*) y metabolizado por *CYP3A4* y *CYP3A5*. Actualmente no existe información sobre la asociación de los polimorfismos genéticos de los genes *CYP* y *ABC*, sobre la respuesta al tratamiento en este tipo de pacientes. Por lo anterior, se determinó la asociación de los polimorfismos genéticos de *CYP3A4*, *CYP3A5* y *ABCB1* con la respuesta clínica a nifedipino en mujeres con PEE. Este es un estudio de casos y controles. Se incluyeron pacientes con diagnóstico de PEE bajo tratamiento con nifedipino del servicio de ginecología del HMI-SSD. En el grupo de casos se incluyeron las pacientes con un descenso <15% en las cifras de tensión media de diagnóstico (TAM), y en el grupo control, pacientes con una disminución >15% de la TAM. La determinación de las variantes alélicas *1B y *17 de *CYP3A4*; las variantes *3, *6, *7 y *11 de *CYP3A5*; y las variantes 1236C>T, 2677G/T y 3435C>T de *ABCB1* se realizaron por PCR en tiempo real. Se evaluaron 50 pacientes con diagnóstico de PEE bajo tratamiento con nifedipino (28 casos y 22 controles). No se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre los grupos de estudio para las variantes alélicas *1B y *17 de *CYP3A4*; las variantes *3, *6, *7 y *11 de *CYP3A5*; y las variantes 1236C>T y 3435C>T de *ABCB1*. Únicamente se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre casos y controles para el alelo T de la variante *ABCB1* 2677G>T (55% vs 27%, respectivamente). El análisis de regresión logística demostró que alelo 2677G>T se asoció con la falta de respuesta al tratamiento con nifedipino (OR 3.56, IC95% [1.07 – 11.81], $p=0.033$) bajo un modelo de herencia dominante. Los resultados mostraron que el polimorfismo 2677G>T de *ABCB1* están asociados con una falta de respuesta a nifedipino en pacientes con PEE. Estos resultados sugieren que este SNP podría ser utilizado como un marcador genético predictivo de falta de respuesta clínica a nifedipino.

CNG2018 042**EVALUACIÓN RÁPIDA DEL POTENCIAL DE RIESGO GENOTÓXICO (ERPRG) DE METALES PESADOS EN ZIMAPÁN, HIDALGO, MÉXICO**Sánchez Olivares MA¹, Pulido Flores G², Gaytan Oyarzún JC^{1*}¹Laboratorio de Genética Evolutiva y Ambiental, AAB-UAEH²Laboratorio de Parasitología Animal, AAB-UAEHÁrea Académica de Biología del Instituto de Ciencias Básicas e Ingeniería,
Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Carretera Pachuca Tulancingo S/N CP. 42182
Mineral de la Reforma Hidalgo, México. Tel (01) 771 71 72000 Ext. 4511

*jcgaytan@uah.edu.mx

Los estudios para evaluar los efectos biológicos de contaminantes ambientales requieren de toma de decisiones rápidas y sustentadas, que permitan priorizar que compuestos requieren ser evaluados. El objetivo del presente trabajo es presentar un método de análisis rápido para la toma de decisiones, sustentado en estudios de química analítica y/o de reportes bibliográficos y científicos que evidencien la presencia de xenobióticos en una zona de estudio y la probabilidad de que existan sus posibles efectos genotóxicos. La metodología se sustenta en un análisis de las principales características fisicoquímicas del o los compuestos a estudiar, de su cinética ambiental, biodisponibilidad, así como de sus efectos biológicos reportados y/o potenciales, que puedan incrementar o no la probabilidad de manifestar un efecto biológico. Dicha metodología se aplicó en Zimapán, Hgo., debido a que existen evidencias de que hay arsénico en el agua de consumo humano y es el principal elemento en que las autoridades municipales centran todos sus esfuerzos para eliminarlo, pero existen reportes y evidencias de la presencia de otros metales de interés genotóxico como cadmio, plomo, mercurio y cromo, que requieren ser evaluados por su potencial de riesgo. Los resultados del presente trabajo arrojan evidencias de que las preocupaciones municipales de eliminar arsénico del agua potable se deben ampliar a otros metales pesados de interés genotóxico y que estos esfuerzos dependen también de las temporadas del año en donde las concentraciones de estos elementos pueden variar. Lo cual permite concluir que este tipo de estudios no solo sustentan la toma de decisiones en investigaciones de genética toxicológica enfocada a contaminantes ambientales, sino que también permite optimizar el uso de recursos para su investigación.

CNG2018 043**EFFECTO DEL TALIO SOBRE EL DESARROLLO EMBRIONARIO Y FETAL EN RATONES CD-1**

Cruz Del Castillo GA, Rodríguez Mercado JJ, Mateos Nava RA,
Altamirano Lozano MA, Álvarez Barrera L*

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN),
Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, UNAM.
Avenida Guelatao 66, Iztapalapa, Ejército de Oriente, CP 09230 CDMX
*alvarezbarrereralucila@gmail.com

El talio es distribuido en el ambiente de forma natural y antropogénica, permitiendo que la población en general esté expuesta a este metal. El talio pasa la placenta hasta llegar al feto además de que existen evidencias experimentales de sus efectos teratógenos en embriones de pollo; sin embargo, la información en ratones es limitada y poco concluyente por lo cual el objetivo de este trabajo fue evaluar los efectos del acetato de talio (TlCOOCH_3) sobre el desarrollo embrionario y fetal de los descendientes de ratones hembra de la cepa CD-1 preñadas. Se formaron 4 grupos de 10 hembras preñadas a los cuales se les administraron vía intraperitoneal 0, 6.16, 7.4 y 9.25 mg/Kg de TlCOOCH_3 , en dosis repetidas los días 6, 8, 10, 12, 14 y 16 del periodo de gestación. Las hembras se sacrificaron por dislocación cervical el día 18 de preñez, se obtuvieron los fetos y se revisaron al estereoscopio la presencia de alteraciones externas e internas. En el grupo de 9.25 mg/Kg 5 hembras presentaron alopecia. El grupo tratado con 6.16 mg/Kg presentó aumento en el número de reabsorciones y 36.5% de los fetos presentaron por lo menos una anomalía externa, en el grupo tratado con 7.4 mg/Kg 11% de los fetos presentaron anomalías externas y en el grupo tratado con 9.25 mg/Kg 42.4%. Los tres grupos tratados con talio presentaron osificación incompleta en el cráneo (57, 60 y 68%); además de fallas en la osificación de las entenebras (19, 15 y 28%). Existen antecedentes donde el talio provoca acondroplasia en embriones de pollo y degeneración del musculo perineo de neonatos de rata, lo anterior puede estar relacionado con la aparición de anomalías externas como la rotación de extremidades encontradas en este estudio. Además, la disminución en la osificación del cráneo y las entenebras puede estar relacionada con hipertrofia y disminución en los condrocitos y blastocitos como sucede con la exposición a talio en neonatos de rata. De acuerdo con los resultados, podemos concluir que el acetato de talio causa efectos sobre el desarrollo embrionario y fetal.

Se conto con el apoyo parcial de PAPITT-UNAM proyecto IN225216.

CNG2018 044**MONITOREO CITOGENÉTICO EN LINFOCITOS DE RECIÉN NACIDOS EXPUESTOS AL TABACO DURANTE EL EMBARAZO**Betancourt Nájera CA¹, Carrasco-Urrutia V², Bojórquez Rangel G^{1*}

Laboratorio de Biología Celular y Genética, Instituto de Ciencias Biomédicas,
Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Anillo envolvente del Pronaf, S/N,
Ciudad Juárez, Chihuahua.
gbojorqu@uacj.mx

Diversos estudios en mujeres fumadoras embarazadas, activas y pasivas, han demostrado la presencia de sustancias tóxicas del tabaco en el cordón umbilical y fluidos fetales, incluyendo líquido amniótico y suero fetal. Los efectos de estas sustancias durante las primeras etapas del desarrollo pueden afectar la integridad genética de diversos tipos celulares incluyendo las células madre presentes en el cordón umbilical, las cuales son de gran interés biomédico. El objetivo del presente estudio fue evaluar el daño genético en recién nacidos expuestos a sustancias del tabaco durante el embarazo utilizando diversos biomarcadores de daño genético. Para esto se tomaron muestras de sangre del cordón umbilical de 31 recién nacidos, 14 de los cuales fueron de madres fumadoras y 17 que pudieron ser catalogadas como testigo a través de la aplicación de un riguroso cuestionario y que fueron atendidas en la clínica 6 del Instituto Mexicano del Seguro Social en Ciudad Juárez, Chihuahua. Las muestras fueron transportadas al Laboratorio de Biología Celular y Genética de la Universidad Autónoma de Ciudad Juárez en donde se realizaron cultivos convencionales de linfocitos utilizando Medio McCoy 5a modificado, fitohemaglutinina y antibiótico. Un grupo de cultivos fue tratado con Citocalacina B, para obtener células binucleadas y otro más con colchicina para un análisis de cromosomas. Los cultivos fueron realizados por triplicado y analizados a doble ciego. Se evaluó Índice de División Nuclear (NDI), aberraciones cromosómicas (AC) y nucleares (AN), y la frecuencia de micronúcleos tanto en células mononucleadas (MNMN) como binucleadas (MNCB). Los resultados no muestran diferencias significativas en la frecuencia de micronúcleos entre neonatos expuestos y controles ($p > 0.05$). Se observó un incremento en la frecuencia de alteraciones nucleares y cromosómicas entre ambos grupos, aunque el análisis estadístico no muestra que estas sean significativas ($p > 0.05$).

CNG2018 045

MUTAGENICIDAD INDUCIDA POR LA MATERIA ORGÁNICA DE PM₁₀ DE TRES SITIOS DE LA ZONA METROPOLITANA DEL VALLE DE MÉXICO

Flores-Márquez AR^{*1}, Cortés-Eslava J¹, Gómez-Arroyo S¹, Diosdado Martínez A¹,
Hernández Acevedo A¹, Amador-Muñoz O¹, Valencia-Quintana R²

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

²Laboratorio Rafael Villalobos Pietrini de Toxicología Genómica y Química Ambiental,
Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Autopista San Martín-Tlaxcala Km.
10.5 S/N, Ixtacuixtla Tlax., C.P. 90120.
aflores@atmosfera.unam.mx

La materia orgánica extraída (MOE) de aeropartículas $\leq 10 \mu\text{m}$ (PM₁₀) es una mezcla compleja de cientos de compuestos con diferentes propiedades químicas y biológicas; la fracción poliaromática (hidrocarburos aromáticos policíclicos y sus derivados) es el mayor contribuyente al efecto mutagénico e incluye a grupos orgánicos muy peligrosos para la salud. Estos compuestos son los principales marcadores de contaminación por combustión de gasolina, diesel, carbón, aceite, madera, emisiones del asfaltado de calles y de zonas forestales y agrícolas. Por otra parte, la prueba de Ames es una metodología utilizada ampliamente en estudios de mutagenicidad y se basa en la reversión de un genotipo his⁻ a his⁺ en varias cepas de la bacteria *Salmonella typhimurium* incapaces de sintetizar el aminoácido esencial histidina debido a una mutación. Dada la importancia de las partículas del aire como contaminantes atmosféricos, el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto mutagénico de la MOE de PM₁₀ de tres sitios de la zona metropolitana del Valle de México, La Merced en el centro (C), Tlalnepantla en el noroeste (NO) y Coyoacán en el suroeste (SO), de septiembre (temporada de lluvias) y de noviembre (temporada de secas-frías) de 2014, mediante el ensayo de Ames. Se emplearon las concentraciones de MOE de 10, 17, 24 y 31 $\mu\text{g}/\text{mL}$ en *Salmonella typhimurium* TA98 (con y sin fracción microsómica S9) y YG1024. El testigo negativo fue dimetil sulfóxido y los positivos 1-nitropireno (mutágeno de acción directa) y benzo(a)pireno (mutágeno de acción indirecta). El registro de las colonias bacterianas se realizó después de 48 horas de sembradas. La MOE tanto de la zona C como del NO, incrementó significativamente los valores de revertantes/placa, obteniéndose relación con la concentración. En las muestras del SO, el efecto mutagénico, solo fue significativo en las concentraciones más altas. La mayor potencia mutagénica se obtuvo con la MOE de PM₁₀ de La Merced de la temporada secas-frías, debido posiblemente a la presencia de una elevada cantidad de compuestos de acción directa e indirecta, provenientes de la principal fuente de contaminación de esa zona, el tránsito vehicular.

CNG2018 046**HIPOTIROIDISMO SUBCLÍNICO Y SU RELACIÓN CON LA VARIANTE GÉNICA DE *FOXE1* EN FAMILIAS DE LA ZONA RURAL DE CD. LERDO, DURANGO**

García-Torres E, Pérez-Morales R, Olivas-Calderón EH, Morales-Madrigal LM, Calleros-Rincón EY*

Laboratorio de Biología Celular y Molecular. Departamento de Posgrado e Investigación.
Facultad de Ciencias Químicas, UJED. Artículo 123 s/n. Col. Filadelfia.
C.P. 35010. Gómez Palacio, Dgo. México.
dra.ecallerosrincon@ujed.mx

El hipotiroidismo es causado por una baja síntesis y secreción de hormonas tiroideas. Acorde al tiempo de aparición se denomina congénito o adquirido, al nivel de disfunción primario o secundario y según la severidad clínico o subclínico; sin embargo, el diagnóstico del hipotiroidismo subclínico representa un reto y requiere un análisis del perfil tiroideo para lograr su detección temprana. La prevalencia mundial es del 4.3 % y en México afecta al 8% de la población, puede presentarse a cualquier edad y afecta principalmente a mujeres. Su etiología es multifactorial donde los principales factores causales son ambientales, inmunológicos, nutricionales y genéticos. Dentro de los factores genéticos tenemos a *FOXE1*, factor de transcripción específico implicado en la organogénesis y diferenciación tiroidea; la variante génica *FOXE1* rs965513 ha sido asociada con varias alteraciones tiroideas, incluyendo casos esporádicos y familiares de hipotiroidismo, así como cáncer de tiroides. En estudios previos se observó una prevalencia de 20% de hipotiroidismo subclínico en mujeres residentes del área rural de ciudad Lerdo Durango, quienes refirieron que había más de un caso en su familia. En este estudio se analizó la variante *FOXE1* rs965513 en 62 integrantes de 11 familias; se determinaron los perfiles tiroideos por quimioluminiscencia y se realizó la extracción de ADN por salting out, mientras que los genotipos se determinaron por PCR en tiempo real con sondas de hibridación específica. Se encontraron 24 casos de hipotiroidismo en las 11 familias: 3 familias con 1 caso, 3 con 2 casos y 5 familias con 3 casos. Con respecto a los genotipos, se han analizado 18 individuos, 39% tiene un genotipo heterocigoto G/A y el 61% un genotipo homocigoto silvestre G/G, aun no se ha encontrado un genotipo homocigoto polimórfico A/A. Por lo anterior, el factor genético no parece ser condicionante de hipotiroidismo subclínico ya que 6 casos muestran un genotipo homocigoto silvestre G/G y solo un caso corresponde al genotipo heterocigoto G/A. Sin embargo, es necesario concluir con los genotipos y analizar la segregación de alelos, así como la presencia y frecuencia del polimorfismo A/A en todos los individuos.

CNG2018 047**MANEJO RENAL DEL MAGNESIO COMO BIOMARCADOR DE REGULACION DE DAÑO EN DIABETES**Meléndez Valenzuela A¹, Corvera-Aispuro CE², Delgadillo-Guzman D^{1*}¹Universidad Autónoma de Coahuila, Laboratorio de Farmacología
Facultad de Medicina UT²Instituto Mexicano del Seguro Social. HGZ#16. Torreón, Coahuila
dealmydelgadilloguz@uadec.edu.mx

La diabetes mellitus tipo 2 (DM), es una enfermedad crónica multifactorial, que deriva en múltiples complicaciones como el pie diabético (PD). La prevalencia en México de DM es del 9.2%, de los cuales el 2% culminan en amputación de extremidades inferiores. El magnesio (Mg^{2+}) es un cofactor de más de 300 reacciones enzimáticas intracelulares, dependientes del metabolismo energético, inflamación y quimiotaxis de macrófagos. Se ha observado que existe relación entre los niveles séricos de Mg^{2+} y la incidencia de PD y su gravedad. Se propone al manejo renal del magnesio por medio de la excreción fraccional (%FEMg), como un biomarcador de daño por déficit intracelular del ion. El estudio de estos parámetros puede contribuir a la valoración para el manejo adecuada de la DM en diferentes etapas. Comparamos los valores del %FEMg entre sujetos sanos (CTRL), pacientes con DM y pacientes con PD. Se trata de un estudio tipo prospectivo, transversal y comparativo y relacional en 25 pacientes voluntarios por grupo: CTRL, DM y PD de la Comarca Lagunera. Se determinaron medidas, Hb1Ac, glucosa y la estimación de %FeMg, así como la evaluación clínica de la herida. Se realizó estadística descriptiva y determinación de medias y DE, comparando los grupos con el estadístico U-Mann Whitney y post hoc con el estadístico de Dunn. La %FEMg en el grupo DM fue mayor con respecto al de PD ($P=0.17$). Se observó que los valores de %FEMg en CTRL son menores a los de los DM, sin diferencias estadísticamente significativas. El grupo CTRL presentó una media %FEMg mayor a los valores normales del 2%. Estos resultados sugieren que la %FEMg es un indicador de la concentración activa intracelular de Mg^{2+} , donde los sujetos con PD probablemente muestren agotamiento del ion, mientras que las pérdidas del ión en DM están incrementadas. Sin embargo los sujetos CTRL también presentan anomalías en el manejo renal del ion o alteraciones tubulares. Posiblemente existen factores ambientales o genéticos involucrados en estas alteraciones.

CNG2018 048

CUANTIFICACIÓN DE ADUCTOS EN DNA DE LINFOCITOS DE FUMADORES SANOS, PACIENTES CON CÁNCER PULMONAR O EPOC, Y SU ASOCIACIÓN CON VARIANTES ALÉLICAS DE RIESGO

Ríos-Sánchez E¹, Rubio Lightburn J², Petrosyan P², Pérez-Morales R^{1*}

¹Facultad de Ciencias Químicas. Universidad Juárez del Estado de Durango.

Av. Artículo 123 S/N Fraccionamiento Filadelfia CP 35010. Gómez Palacio, Durango.

²Instituto de Investigaciones Biomédicas. Universidad Nacional Autónoma de México.

Circuito Mario de la Cueva S/N, Coyoacán CP 04510. Ciudad de México

*rebecapms@ujed.mx

La combustión incompleta de la materia orgánica genera hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAP) que ocasionan modificaciones covalentes en el DNA, lo que es denominado aducto. Los aductos interfieren con la replicación del DNA si no son reparados y pueden conducir a patologías como el cáncer pulmonar (CaPu) y/o la Enfermedad Pulmonar Obstructiva Crónica (EPOC). Los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) en enzimas de bioactivación - conjugación de HPA y reparación del DNA se han asociado a altos niveles de aductos. En este trabajo se analizó la cantidad de aductos en DNA de linfocitos de pacientes con CaPu y EPOC y su asociación con polimorfismos de genes candidatos. Se incluyeron 16 casos de CaPu, 16 de EPOC y 16 controles, todos pareados. Se cuantificaron los aductos en DNA por post-labeling con ³²P. Se determinaron los genotipos de 8 SNPs de *CYP1A1*^{*2A}, *EPHX1*^{Tyr113His}, *GSTT1*^{*0}, *GSTM1*^{*0}, *XPD*^{Lys751Gln}, *XPD*^{Asp399Ans}, *MGMT*^{Leu84Phe} y *CHRNA3*, por PCR tiempo real y PCR-RFLP. Se encontraron diferencias significativas en el índice tabáquico (IT) entre grupos ($p=0.005$) y en la cantidad de aductos en DNA que fueron de 1.54 ± 0.87 , 1.08 ± 0.05 y 1.84 ± 0.76 aductos por cada 10^8 nucleótidos para el grupo de controles, CaPu y EPOC, respectivamente, siendo estas diferencias estadísticamente significativas ($p=0.036$), con mayor cantidad en pacientes con EPOC. La determinación del índice genético, que es la suma de alelos de bajo riesgo, mostró que el grupo de EPOC tiene más alelos de riesgo. Sin embargo, no se encontraron diferencias significativas entre el índice genético y la cantidad de aductos ($p=0.1051$). Por lo anterior, concluimos que los pacientes con EPOC tienen mayores IT respecto los de CaPu, lo que se manifiesta en la cantidad de aductos encontrados, este efecto es parcialmente explicado por la carga genética debido a que el componente ambiental tiene un papel muy importante.

CNG2018 049

EN LA CRUZA BIOACTIVACIÓN ELEVADA DE SMART EN ALA DE *Drosophila melanogaster*, LA NICOTINA, EL RESVERATROL Y SUS CO-TRATAMIENTOS INDUCEN MENOS DAÑO GENOTÓXICO

Carmona-Alvarado C¹, Estrada-Guzmán JC¹, Dueñas-García IE¹, Durán-Díaz Á², Santos-Cruz LF¹, Velázquez-Ulloa N³, Heres-Pulido ME^{1*}

¹Laboratorio de Genética Toxicológica,

²Laboratorio de Matemáticas, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM. Av. de los Barrios Núm. 1. Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla Edo. México. 54090, México.

³Departamento de Biología del Lewis & Clark College, Portland, Oregon, EE.UU.

*eugeniaheres@hotmail.com

La nicotina (NIC) es un oxidante que daña por diferentes vías, el resveratrol (RSV) ha mostrado efectos antioxidantes y quimioprotectores, y ambos son metabolizados por los Cyp450s. Nos propusimos evaluar el posible efecto quimioprotector del RSV en co-tratamiento con NIC empleando SMART en ala de la craza de bioactivación elevada (CBE) de *D. melanogaster*. Se usaron larvas de 72±4 h que tienen metabolismo xenobiótico (MX) y respuesta al estrés oxidante altos. Las larvas fueron expuestas a tratamientos crónicos con agua miliQ, EtOH 1%, NIC[0.47, 0.94, 1.9, 3.8, 11.3mM], RSV[0.28, 11µM] y co-tratamientos NIC+RSV, con cada una de las concentraciones. Se analizaron las alas, sin prejuicio, a 40x y se compararon con sus respectivos testigos y entre sí. Ninguna concentración de NIC o RSV fue genotóxica. NIC[11.3mM] y en co-tratamiento con RSV[11µM] fue letal, pero con RSV[0.28µM] no lo fue. Los co-tratamientos RSV[11µM]+NIC[0.94 y 3.8mM] fueron genotóxicos comparados con RSV. RSV[0.28µM]+NIC[3.8mM] fue genotóxico comparado contra EtOH y RSV. RSV[11µM] y RSV[0.28µM]+NIC[1.9mM] disminuyeron la tasa de mutación espontánea. Excepto NIC[1.9mM], RSV[11µM] y RSV[11µM]+NIC[0.47, 1.9mM] todos los tratamientos y co-tratamientos modificaron la división celular. A pesar de que las concentraciones de NIC utilizadas representan exposiciones altas ninguna fue genotóxica en CBE. La ausencia de genotoxicidad de NIC y RSV, así como la letalidad de NIC[11.3mM] con/sin RSV[11µM] contrasta con lo obtenido previamente con la craza estándar (CE), donde NIC[11.3mM] y RSV[11µM] fueron genotóxicos, pero no en co-tratamiento. RSV[0.28, 11µM] disminuyeron la tasa de mutación espontánea, en al menos un tratamiento, pero RSV[11µM] tuvo más efectos dañinos y el RSV[0.28µM] protegió del daño letal de NIC[11.3mM]. Se confirma que en CBE, el RSV[11µM] no es genotóxico. Concluimos que en CBE los co-tratamientos con RSV[11µM] causaron más daños que el RSV[0.28µM]. Los datos de genotoxicidad fueron menos frecuentes en CBE que en CE, e igual que con ésta, no se encontró una concentración-respuesta. En CBE hay menores eventos de alteración de la división celular. Lo obtenido en este trabajo con CBE, se debe a las diferencias metabólicas entre ambas cruas.

CNG2018 050

EFFECTO DEL ALL-TRANS-ÁCIDO-RETINOICO SOBRE LA PROTEÍNA MORFOGÉNICA DE HUESO-7 EN MODELO ANIMAL DE IMPLANTE DE ÁCIDO POLILÁCTICO

Parrilla-Virrey G¹, García Arenas G², Delgadillo Guzmán D^{1*}

¹Departamento de Farmacología. Universidad Autónoma de Coahuila Unidad Torreón.
Av. Morelos 900 ote. Col. Centro, C.P. 27000 Torreón Coahuila

²Departamento de Investigación. Facultad de Ciencias de la Salud.
Universidad Juárez del Estado de Durango.

Sixto Ugalde S/N, Col. Revolución. C.P.35050 Gómez Palacio, Dgo. Mx.
dealmydelgadillo@uadec.edu.mx

Existe una gran heterogeneidad en la respuesta a implantes óseos como tratamiento a la pérdida de masa ósea. Se involucran interacciones entre los materiales, el tejido circundante, los procedimientos quirúrgicos y el aporte de nutrientes al individuo receptor. El ácido retinoico (vitamina A) es un constituyente nutricional necesario en la formación de tejido nuevo. Además se ha descrito que éste participa en la regulación de las repuestas intracelulares de las vías de señalización de receptores tirosina-cinasa, tanto en las moléculas señalizadoras como en la transcripción de genes para la síntesis de proteínas. Así pues, se reconoce su acción como un agente que regula la osteogénesis en periodos embrionarios, donde la proteína morfogénica ósea 7 (BMP-7) está involucrada. Sin embargo, no existen evidencias claras sobre su efecto en la remodelación y curación ósea en etapas posteriores. Esta investigación se enfoca en describir el efecto del All-Trans-Ácido-Retinoico (ATRA) vía oral, sobre la reparación ósea, así como los posibles mecanismos en la regulación de BMP-7 y los procesos inflamatorios involucrados en este fenómeno. En un modelo de cirugía de defecto calvario estandarizado, bajo anestesia, se colocó un implante de ácido poliláctico (PLA) en el cráneo de cuatro grupos de ratas Wistar: Grupo 1: cirugía de defecto calvario; Grupo 2: cirugía + implante de PLA; Grupo 3: cirugía + ATRA; Grupo 4: cirugía + implante de PLA + ATRA. La determinación de las diferencias entre grupos, se realizó por medio de ANOVA de 2 vías, para cada variable. Se considera un valor de $P < 0.05$. El efecto sobre BMP-7 y los valores de VSG, hematocrito, hemoglobina y leucocitos del ATRA sobre los grupos de estudio, son diferentes con respecto al grupo control. El ATRA modifica la respuesta inflamatoria y de osteosíntesis en animales sometidos a cirugía de defecto calvario con implante de PLA.

CNG2018 051**ESTADO OXIDANTE ASOCIADO AL MANEJO RENAL DE MAGNESIO EN PACIENTES CON PIE DIABÉTICO**Corvera-Aispuro CE², Quintanar-Escorza MA³, Delgadillo-Guzman D^{1*}¹ Departamento de Farmacología, Facultad de Medicina UT, Universidad Autónoma de Coahuila. Morelos 900. Col. Centro. Torreón, Coah.²Instituto Mexicano del Seguro Social. Hospital General de Zona #16. Torreón, Coah.³Departamento de Bioquímica. Facultad de Medicina y Nutrición, Universidad Juárez del Estado de Durango. Av. Fanny Anitúa S/N. Col. Centro. C.P. 34000. Durango, Dgo.

La diabetes mellitus tipo 2 (DM), es una enfermedad crónica caracterizada por aumento del estrés oxidante en los tejidos, por elevación de la glucosa. El pie diabético (PD) es la complicación más frecuente de la DM, requiere hospitalización y es el principal evento que conduce a amputación de extremidades inferiores. El magnesio (Mg^{2+}), es un ion que actúa como cofactor en múltiples reacciones enzimáticas del sistema antioxidante, así como en la señalización del receptor de la insulina, en el residuo tirosina-cinasa, donde las concentraciones intracelulares adecuadas son indispensables para la transfosforilación de las subunidades alfa y beta, en presencia de su ligando, la insulina. Por lo tanto, los niveles de glucosa están regulados en gran parte por la actividad intracelular del Mg^{2+} . Las pérdidas debidas a bajas concentraciones de Mg^{2+} , provocan un decremento de la actividad de su canal en membranas celulares, aumentado el flujo al espacio extracelular. Sin embargo puede sufrir un agotamiento intracelular. El riñón regula las concentraciones extracelulares de los iones y solutos. En este estudio, determinamos el estado oxidante y su relación con el manejo renal de magnesio (FEMg) en pacientes con pie diabético. Se trata de un estudio tipo prospectivo, transversal y de relación, donde se incluyeron 25 pacientes con DM y con PD. Previo consentimiento informado, se determinaron medidas antropométricas, estudios de gabinete de laboratorio (Hb1Ac, glucosa, FEMg, determinación de Capacidad antioxidante total (CAT) y lipoperoxidación por medio de las concentraciones de malonaldehído (MDA). Por último se realizó la evaluación y estratificación clínica de la herida. El análisis estadístico se realizó por medio de estadística descriptiva y determinación de medias y DE Se realizó Análisis de varianza U-Mann-Whitney y estadístico de Spearman. La CAT esta correlacionada con la %FEMg ($R=0.42$; $P=0.0028$). Las concentraciones de MDA están correlacionadas con la %FEMg ($R=-0.48$; $P=0.004$). El incremento de la actividad de las enzimas antioxidantes (CAT), en pacientes con diabetes y PD, se asocia a la FEMg. El daño oxidativo (MDA), aumenta con respecto a las pérdidas de magnesio por orina en DM y PD, probablemente por una reserva agotada del ion, por lo que disminuye su excreción.

CNG2018 052**GLUCOSA Y CORTISOL COMO CORRELATO BIOLÓGICO DE SENTIMIENTO DE CULPA Y ESTRÉS EMOCIONAL EN SUJETOS SANOS Y DIABÉTICOS**Sharara Núñez AI¹, López Aparicio L¹, García Garza R²,
Delgadillo Guzmán D^{1,2}¹Laboratorio de Farmacología, Facultad de Medicina UT,
Universidad Autónoma de Coahuila,²Cuerpo Académico de Ciencias Morfológicas, Facultad de Medicina UT,
Universidad Autónoma de Coahuila.
dealmydelgadillologuz@uadec.edu.mx

La búsqueda de las relaciones entre los componentes biológicos y psicológicos se ha dado de manera que se busca vincular trastornos emocionales con los niveles de biomarcadores, desde hace unos años ha surgido la propuesta de buscar estas relaciones respecto a estados emocionales específicos. En el presente estudio nos preguntamos si el sentimiento de culpabilidad y estrés psicológico percibido están relacionados con los niveles de glucosa y cortisol, ya que se ha observado que existe una estrecha relación entre éstos. Este estudio se realizó en pacientes diabéticos (DM2) con grupo control, ya que esta enfermedad se asocia fuertemente al trastorno depresivo y uno de sus criterios para diagnóstico son los sentimientos de culpa. Se trata de un estudio longitudinal, analítico, observacional, de nivel relacional. Correlacionamos los niveles de glucosa y cortisol con la presencia de estrés y sentimiento de culpa en individuos sanos y pacientes con DM2. En pacientes con DM2 como grupo de estudio y en sujetos sanos como grupo control; participaron 40 sujetos en total, y se obtuvieron datos sociodemográficos, muestras de saliva, de sangre y se aplicaron escalas de estrés, culpa y depresión (ATQN, BECK y PSS14). Después de la primera medición de glucosa, se realizó una intervención donde se recordaron vivencias de logro y culpa durante 20 minutos. Se encontraron diferencias después de la medición de la glucosa en el grupo sano ($P=0.031$) y en el grupo con diabetes ($P=0.002$). En el grupo sano, los individuos con mayor puntaje de culpa, mostraron relación con los niveles de cortisol y glucosa ($R=0.82$; $P<0.05$). La glucosa y la puntuación de sentimiento de culpa mostraron relación en el grupo control ($R=-0.68$; $P<0.01$). El cortisol y la glucosa se asociaron en el grupo de participantes clínicamente sanos en aquellos que presentaron mayores niveles de sentimiento de culpa. Se observó asociación inversa entre los niveles de sentimiento de culpa y glucosa en sujetos sanos. Los altos niveles de sentimiento de culpa se asociaron con variación en la glucosa tras un ejercicio de introspección.

CNG2018 053

ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO rs12522248 del gen TIM-1 y rs911119 DEL GEN CST3 CON KIM-1 y CYSTATINA-C URINARIO EN PACIENTES DE LA COMARCA LAGUNERA

Castro Flores A¹, Barbier OC¹, Sharara Núñez AI¹,
González Galarza FF¹, Delgadillo-Guzmán D^{1*}

¹Laboratorio de Farmacología, Facultad de Medicina UT, Universidad Autónoma de Coahuila, Morelos 900, Centro 27086, Torreón, Coahuila
²Laboratorio de Toxicología Renal. Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del I.P.N. Unidad Zacatenco. 2508. San Pedro Zacatenco 07360 México, D. F.

La cistatina C (Cyst-C) es un marcador temprano de lesión renal. La molécula 1 de lesión renal (KIM-1) está altamente sobre-expresada en las células diferenciadas del túbulo proximal después de daño renal agudo por isquemia o nefrotóxicidad en modelos animales. Los altos niveles urinarios de KIM-1, están asociados con alto riesgo de mortalidad cardiovascular, resistencia a la insulina, incidencia de enfermedad renal crónica y falla cardíaca congestiva. La presencia de los polimorfismos rs911119 en el gen CST3 y rs12522248 del gen TIM-1, pueden ser un factor modulador de los niveles urinarios de estas proteínas. Se realizó un escrutinio genético de los polimorfismos relacionados con las proteínas consideradas actualmente como biomarcadores tempranos de lesión renal, así como su cuantificación urinaria. KIM-1 y Cyst-C se estimaron por medio del sistema MLLIPLEX® xMAP®-Human Kidney Toxicity Panel 3 y 4. Estos valores se normalizaron con respecto a creatinina. Para la genotipificación, se utilizó un microarreglo de la marca Illumina®. El análisis de los datos fue por medio de estadística descriptiva y χ^2 , identificando las frecuencias fenotípicas de los polimorfismos, así como correlación de Pearson para el cálculo de R. Se estudió el genoma de 29 individuos, de los cuales 6.89% (2) tenía genotipo CC, 17.24% (5) CT y (75.86%) (22) TT del SNP rs911119. No hubo diferencia estadísticamente significativa entre la media de Cyst-C urinaria según el genotipo, ni entre pacientes con diabetes y sanos. Existe una correlación positiva entre los niveles del biomarcador con el número de alelos mutados ($R=0.381$, $P=0.014$). Los valores urinarios de acuerdo al genotipo de rs12522248, no mostraron diferencias estadísticamente significativas entre los genotipos TT, TC y CC. No existió correlación entre los valores urinarios de KIM-1 ajustados a Creatinina y el grado de mutación de rs12522248. ($R=0.245$; $P=0.16$). Estos resultados sugieren que la heterogeneidad en los valores urinarios de KIM-1 por la presencia del polimorfismo rs12522248, es dependiente de la mutación del alelo T por C. Además, la identificación del polimorfismo rs911119 podría ser una herramienta útil en la identificación de pacientes en riesgo para ERC antes del diagnóstico, se quieren más estudios para su aplicación clínica.

CNG2018 054

BIOINFORMÁTICA APLICADA AL ESTUDIO DE GENÉTICA POBLACIONAL DE PECES DE IMPORTANCIA COMERCIAL DE COSTAS MEXICANAS

Domínguez-Mendoza CA, Uribe-Alcocer M, Díaz-Jaimes P*

Posgrado en Ciencias del Mar y Limnología,
Laboratorio de Genética de Organismos Acuáticos,
Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, Ciudad Universitaria, Ciudad de México.
cris_ale84@hotmail.com

En México, las especies marinas con mayor demanda y que, históricamente, han ocupado los primeros lugares en captura a nivel nacional son: el pargo lunarejo (*Lutjanus guttatus*), el huachinango (*L. peru*), la sierra del Pacífico (*Scomberomorus sierra*), la sierra del Golfo (*S. concolor*), el atún aleta amarilla (*Thunnus albacares*). A su vez la pesquería del tiburón en México representa un importante recurso, existen más de 376 especies de tiburones vivientes y más de la mitad son de importancia para las pesquerías. Las especies con mayor demanda pertenecen en su gran mayoría al orden Carcharhiniforme, siendo las familias más importantes: Carcharhinidae (tiburones grises) y Sphyrnidae (tiburones martillo), siendo los tiburones *Carcharhinus limbatus*, *C. leucas*, *Sphyrna tiburo*, y *S. lewini* objeto de estudio de este proyecto, el cual consiste en enriquecer el conocimiento integral de su material genético y de encontrar patrones de diferenciación genética a nivel poblacional de estas especies, utilizando dos técnicas: i) captura de secuencias y su secuenciación asociada a los sitios de restricción de ADN RADcap, RADseq y ii) el estudio del genoma mitocondrial. Con tecnologías de alto rendimiento (HTS) que generan millones de secuencias de DNA se han recuperado miles de SNPs que son los marcadores moleculares en estudio, implementando para su análisis las técnicas bioinformáticas de ensamble *de novo* y contra genoma de referencia, llamado de SNPs, filtrado y análisis *downstream*, gracias a las cuales se han determinado patrones de diferenciación genética para dichas especies.

CNG2018 055**EVALUACIÓN *IN VITRO* DE LA TOXICIDAD A DIFERENTES TIEMPOS DE EXPOSICIÓN A TALIO (I) Y TALIO (III)**

Hernández-Caballero A, Mateos-Nava RA, Álvarez-Barrera L, Altamirano-Lozano MA, Rodríguez-Mercado JJ*

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN).
Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, UNAM.
Avenida Guelatao 66, Iztapalapa, Ejército de Oriente, CP 09230 CDMX.
* juserom@unam.mx

En la actualidad la presencia de metales pesados en el ambiente se ha incrementado debido a la intensa actividad antropogénica. Uno que ha llamado la atención en la última década es el talio (Tl). El Tl tiene dos principales estados de oxidación, Tl(I) y Tl(III). Debido a su similitud con algunos cationes metálicos, interfiere con diversos procesos metabólicos. Este metal puede inducir efectos genotóxicos; sin embargo, no se tiene conocimiento si el tiempo de exposición y el estado de oxidación influyen en la magnitud del daño, y si este efecto puede ser inducido de manera directa. Por lo anterior, se evaluó la viabilidad por daño en la membrana y muerte celular, así como la toxicidad genética empleando el ensayo cometa y su versión acelular. Se hicieron cultivos de leucocitos humanos de sangre periférica y se dieron tratamientos con sulfato de Tl(I) o cloruro de Tl(III) en concentraciones de 0 (testigo), 0.5, 1, 5, 50 y 100 mg/mL durante 2, 4 o 6 h. En cada tiempo de exposición se evaluó la viabilidad y el daño al ADN. Por otro lado, para conocer si el daño inducido al ADN por el Tl es directo, se utilizó la versión acelular y las concentraciones de 0.5 y 50 mg/mL de cada sal. Los resultados con ambas pruebas de viabilidad no mostraron cambios importantes; no obstante, se observó incremento del daño al ADN de manera dependiente de la concentración y del tiempo de exposición. Los datos de las evaluaciones del daño acelular, no mostraron diferencias. *In vitro* se ha observado que el Tl induce toxicidad celular en tiempos mayores a 24 h, lo que sustenta los resultados obtenidos. Las pruebas de viabilidad son recomendables para evitar dar falsos positivos en el ensayo cometa. Algunos autores sugieren que el Tl disminuye la actividad antioxidante, lo que podría explicar el aumento de daño al ADN. Por otro lado, la versión acelular, nos indica que el daño observado no es por una interacción Tl-ADN. Se conto con el apoyo de PAPITT-UNAM proyecto IN225216.

CNG2018 056

BIOMARCADORES ANTROPOMÉTRICOS, METABÓLICOS Y POLIMORFISMOS DE *LEP* Y *LEPR* EN MUJERES CON CÁNCER DE MAMA Y SU POSIBLE IMPLICACIÓN EN LA RESPUESTA A LA QUIMIOTERAPIA

Pulido González AS¹, Astorga Ramos AM², Muñoz Yañez C³, Pérez Morales R³

¹Laboratorio de Biología Celular y Molecular, Facultad de Ciencias Químicas.
Universidad Juárez del Estado de Durango. Av. Artículo 123 S/N.

Fracc. Filadelfia C.P. 35010, Gómez Palacio Durango.

²Unidad Médica Atención Ambulatoria N° 53, IMSS.

³Laboratorio de investigación. Facultad de Ciencias de la Salud, UJED.

* rebecapms@gmail.com

El cáncer de mama (CaMa) es considerado una epidemia de dimensiones mundiales. En México, ocupa el primer lugar en mortalidad, entre las neoplasias en mujeres y es considerado la segunda causa más común de mortalidad. Más recientemente se han establecido los factores asociados a la obesidad como eventos importantes en el riesgo a desarrollar CaMa; además estudios de la hormona de leptina y su receptor sobre la regulación, conexiones y efectos sobre el sistema nervioso central están resultando fundamentales en la comprensión del sistema de regulación del balance energético y de los mecanismos implicados en el desarrollo de obesidad que tiene implicaciones negativas sobre los tratamientos contra el cáncer. El objetivo de este estudio es analizar los biomarcadores antropométricos, metabólicos y polimorfismos de *LEP* y *LEPR* en mujeres con CaMa y su posible implicación en la respuesta a la quimioterapia. Se obtuvieron 50 muestras de sangre de mujeres diagnosticadas con CaMa primario y se realizó la extracción de DNA por salting out. La genotipificación se llevó a cabo por PCR tiempo real utilizando sondas Taqman. Se cuantificaron los parámetros bioquímicos por espectrofotometría y los hematológicos por citometría de flujo. En los resultados se encontró que la edad del diagnóstico fue de 54 años (min 28 y máx 94), inicio de la menstruación fue de 13 años (min 9 y máx 15), inicio de la menopausia de 44 años (min 38 y máx 55), número de hijos fue 3 (min 0 y máx 10), número de abortos el mínimo fue 0 y máximo fue de 3, finalmente el Índice de Masa Corporal fue de 30.12 (min 19.83 y máx 45.74). En cuanto a los análisis de parámetros bioquímicos encontramos algunas pacientes con niveles superiores a los valores de referencia; para colesterol el 35.89 %, para glucosa 28.2 % y 23 % para triglicéridos. En cuanto a la frecuencia de los polimorfismos que están asociados con altos niveles de leptina circulante y baja respuesta al tratamiento quimioterapéutico se encontró que *LEP* rs7799039 A/A fue de 0.4 y de *LEPR* rs113701 A/A fue de 0.62.

CNG2018 057**ALTERACIÓN EN EL RECONOCIMIENTO DEL DAÑO AL ADN POR LESIONES DE DOBLE CADENA EN LINFOCITOS DE RATAS DESNUTRIDAS**

González Gutiérrez AM^{1,3}, Ortiz Muñoz AR¹, García Rodríguez MC², Cortés Barberena E*¹

¹Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa.

²Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN), FES Zaragoza, UNAM.

³Posgrado en Biología Experimental, UAM-Iztapalapa
anamglez9@gmail.com

Una dieta deficiente trae consigo el estado patológico denominado desnutrición, que afecta principalmente a los infantes debido a la alta demanda de nutrientes para su desarrollo. Estudios en humanos y modelos animales muestran daño genético elevado en individuos desnutridos. En este trabajo se analizan proteínas involucradas en el reconocimiento del daño al ADN por rupturas de doble cadena (DSBs): ATM, H2AX y p53 fosforiladas (pATM, gH2AX y p53-pser15). Para su estudio, se indujo desnutrición experimental a ratas Wistar lactantes por el método de competencia de alimento, asignando 16 crías (grupo desnutrido, DN) y para el grupo bien nutrido (BN) 6 a 7 crías por nodriza. Se estableció el grado de desnutrición dependiendo del déficit de peso comparado con el lote control. El día 21 (destete), se obtuvo sangre por punción cardiaca y se extrajo bazo de las ratas BN y con DN moderada y grave; las muestras se incubaron con anticuerpos conjugados para identificar linfocitos T y B, al igual que pATM, gH2AX y p53 total (p53t). Para p53-pser15 se utilizó anticuerpo primario, seguido del secundario con su fluorocromo para identificar el porcentaje de linfocitos que mostraban estas proteínas fosforiladas por citometría de flujo. Se adquirieron 20000 eventos por muestra. El grupo con DN grave muestra aumento en el porcentaje de linfocitos B en sangre y linfocitos T en bazo pATM+, igualmente el grupo con DN moderada en los linfocitos B pATM+ de bazo, comparados con BN. En el grupo con DN grave hay una reducción en el porcentaje de linfocitos B doble positivos pATM+/gH2AX+ comparado con el grupo DN moderado y éste presenta un aumento frente al grupo control. El lote con DN grave muestra un decremento en el porcentaje de linfocitos T gH2AX+ en bazo comparado con BN, todos estadísticamente significativos. El porcentaje de linfocitos T y B p53-pser15+ de ambos tejidos (sangre y bazo) es alto en todos los grupos analizados. La información obtenida indica que hay un menor porcentaje celular que está detectando las DSBs de manera efectiva en los grupos DN.

Agradecimiento al CONACYT, por la beca de estudios de posgrado (284113) a AMGG.

CNG2018 058**DAÑO GENOTÓXICO EN MUJERES CON EXPOSICIÓN CRÓNICA A NITRATOS EN AGUA DE BEBER**

Morales-Madrigal LM¹, Gandarilla-Esparza DD¹, Pérez-Morales R¹,
González-Zamora A², Calleros-Rincón EY^{1*}

¹Laboratorio de Biología Celular y Molecular. Departamento de Posgrado e Investigación.
Facultad de Ciencias Químicas, UJED. Artículo 123 S/N. Col. Filadelfia. C.P. 35010.
Gómez Palacio, Durango. México.

²Laboratorio de Biología Evolutiva. Facultad de Ciencias Biológicas, UJED.
Av. Universidad S/N. Fracc. Filadelfia. C.P. 35010. Gómez Palacio, Durango, México.

*dra.ecallerosrincon@ujed.mx

El nitrato es un compuesto presente en la naturaleza de manera común, se puede encontrar en el agua, suelo y algunos alimentos, principalmente en vegetales. Este compuesto es de gran importancia y es uno de los contaminantes en el agua de uso humano, el cual ha aumentado debido a las actividades antropocéntricas como el uso indiscriminado de fertilizantes nitrogenados y el mal manejo de las excretas del ganado, causando repercusiones en la salud. La alta ingesta de nitratos se ha relacionado con diversas enfermedades, entre las más relevantes destacan alteraciones bioquímicas y hematológicas como metahemoglobinemia, hipotiroidismo, modificaciones histopatológicas, cambios genómicos y cáncer. La zona rural de Cd. Lerdo, Dgo., presenta una contaminación de $N-NO_3^-$ en el agua para consumo humano que se encuentra en el rango de 12 – 45 mg/L rebasando el límite máximo permisible (LMP) por la NOM-127-SSA de 10 mg/L de $N-NO_3^-$. El objetivo fue determinar el daño genotóxico en mujeres de 18 a 45 años de edad que consumen agua contaminada por nitratos. Se recabaron muestras de 452 mujeres con más de 1 año de residencia en la zona y que consumen agua de la llave. Se obtuvo una carta de consentimiento informado firmada y se recolectó sangre en tubo con heparina de litio para el cultivo de linfocitos. El daño genotóxico fue analizado por la técnica de micronúcleos en células binucleadas, estratificando y realizando una comparación entre los participantes que residen en comunidades rurales con un nivel permisible de nitrato (testigo) y los que residen en comunidades rurales que rebasan el LMP (expuesto). Los resultados muestran que el índice de división celular en ambos grupos fue similar y dentro de los parámetros normales ($p=0.109$); en cuanto a las células binucleadas hay un porcentaje menor en el grupo expuesto ($p=0.048$); en cuanto a la apoptosis celular, células binucleadas con micronúcleos y células binucleadas con puente se encuentra un aumento de su porcentaje en el grupo expuesto. Se concluye que existe daño genotóxico en las mujeres que residen en las zonas rurales con mayor concentración de $N-NO_3^-$ en el agua que utilizan para consumo diario.

CNG2018 059

APOE4 EN EL ADULTO MAYOR CON DETERIORO COGNITIVO

Valtierra-López LM^{1,2}, Loera-Castañeda V¹, Torres-Valenzuela A^{3,4},
Ruiz-Martínez M M⁵, Celis-Porras J⁶, Lares-Asef I¹, Villanueva Fierro I¹

¹Academia de Genómica Aplicada. Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR Unidad Durango, Dgo. México.

²Universidad Autónoma de Durango.

³Dirección de Acreditación, Certificación y Calidad de Facultades y Escuelas de Medicina de la Universidad Autónoma de Durango.

⁴SAVED Instituto de Ciencia, Investigación, Genética y Metabolismo de Durango.

⁵Clínica de Medicina Familiar ISSSTE Durango.

⁶Instituto Tecnológico de Durango, México.

liliavaltierra@hotmail.com

El incremento de la población geriátrica e inversión de la pirámide poblacional, refleja la importancia del deterioro cognitivo en este grupo etáreo, es evidente el valor de la presencia del alelo $\epsilon 4$ de la apolipoproteína E (*ApoE4*) ya que se ha asociado con deterioro cognitivo y demencia. Es el segundo factor de riesgo para desarrollar Enfermedad de Alzheimer. Fue un estudio de casos y controles. Se aplicó Mini-mental y test del reloj, Índice de Lawton & Brody y Escala de Barthel, Escala de Depresión Geriátrica Abreviada. La genotipificación de *ApoE4* se realizó mediante PCR en tiempo real utilizando sondas TaqMan de Applied Biosystems. Para los cálculos estadísticos se utilizó el programa IBM-SPSS Versión 23, y la prueba estadística la χ^2 , considerada significativa con una $p < 0.05$. El genotipo *ApoE4* está asociado con deterioro cognitivo en las personas geriátricas tamizados en las estancias permanentes y en las personas que acuden a las estancias temporales de la ciudad de Durango. Se pretende asociar e identificar la presencia del genotipo *ApoE4* en personas geriátricas con deterioro cognitivo en estancias permanentes y temporales de la Ciudad de Durango, e identificar las variables socio-demográficas en personas mayores de 60 años habitantes de las estancias permanentes y en las personas que acuden a las estancias temporales de la Ciudad de Durango. El alelo $\epsilon 4$ fue el más frecuente en el grupo de casos (13.8% vs 12.8% $p = 0.632$), hubo diferencias estadísticamente significativas en funcionalidad ($p = 0.001$ y $p = 0.022$). El estado de desnutrición y peso bajo se presentó preponderantemente en el grupo de casos ($p = 0.222$) aun cuando no fue estadísticamente significativo. El alelo mutado de *ApoE4* fue más frecuente en el grupo de casos, así como la desnutrición y peso bajo. Las características sociodemográficas y antecedentes patológicos no presentaron diferencias estadísticamente significativas. Con este estudio presenta un antecedente del aspecto genético y sociodemográfico de nuestra población, dato que no se conocía hasta este momento y abre las puertas para futuras investigaciones, dado que la población no se comportó como se esperaba de acuerdo a la literatura.

CNG2018 060

ASOCIACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS rs9939609 (*FTO*) y rs2295490 (*TRIB3*) CON LA DIABETES TIPO 2 EN POBLACIÓN GUERRERENSE

Reséndiz-Abarca CA, Ramos-Deloya XN, Sánchez-Díaz DD,
Francisco-Aguilar DG, García-Pérez LV, Pablo-Cahua JA, Flores-Alfaro E*

Laboratorio de Investigación en Epidemiología Clínica y Molecular
de la Facultad de Ciencias Químico Biológicas. Universidad Autónoma de Guerrero.
Av. Lázaro Cárdenas S/N C.U. Zona sur, Chilpancingo de los Bravo, C.P.39070.
efloresa_2@hotmail.com

La Diabetes tipo 2 (DT2) es una enfermedad crónica que se caracteriza por presentar resistencia a la insulina, resultando en una hiperglucemia con alteraciones en el metabolismo de carbohidratos, lípidos y proteínas. Existen genes relacionados con esta enfermedad, entre ellos, el gen *FTO* el cual se ha propuesto que participa en la regulación de la expresión de grelina, conllevando a desarrollar obesidad, siendo un factor que predispone a DT2. Otro gen implicado es *TRIB3*, suprimiendo la actividad de Akt dentro de la vía de la insulina. Debido a la importancia de estos genes, se evaluó la asociación de los polimorfismos rs9939609 (*FTO*) y rs2295490 (*TRIB3*) con DT2 en población guerrerense. Se analizaron 250 muestras con y sin DT2. Se determinaron los parámetros clínicos y bioquímicos, se realizó la extracción de ADN, utilizando la técnica rápida no enzimática y se determinaron los genotipos mediante PCR en tiempo real. Las frecuencias de los genotipos en el gen *FTO* fueron de 2.4% para T/T, 29.2% para T/A y 68.4% para A/A. Los portadores del genotipo AA presentaron concentraciones elevadas de glucosa en comparación con los no portadores ($p=0.022$). Sin embargo, no se observó relación con otro parámetro clínico. Se encontró que el genotipo AA del rs9939609 en el gen *FTO* se asoció con el desarrollo de DT2 OR=1.97 (IC 95% 1.1-3.4) ($p=0.015$). Las frecuencias genotípicas del polimorfismo rs2295490 en el gen *TRIB3* en personas con DT2 fue de un 86% para el A/A, seguido del A/G con un 10% y en menor frecuencia el G/G con un 4%. Los portadores del genotipo A/G en el grupo casos mostraron concentraciones elevadas de colesterol, en comparación con los otros genotipos ($p=0.030$), mientras que en el genotipo G/G se observó una disminución en la concentración de c-HDL ($p=0.038$). El genotipo AA del rs9939609 en el gen *FTO* está asociado con el desarrollo de la DT2 en población guerrerense, mientras que en el gen *TRIB3* no se pudo establecer una relación del polimorfismo rs2295490 con DT2, pero si con otros parámetros.

CNG2018 061**EFEECTO DE LAS VARIANTES COMUNES EN LOS GENES SLC22A1 Y SLC22A2 SOBRE EL CONTROL GLICÉMICO DE PACIENTES CON DIABETES TIPO 2 TRATADOS CON METFORMINA**

Resendiz-Abarca CA¹, Huerta Beristain G¹, Álarcón Romero LC¹, Valladares-Salgado A², Cruz-Lopez M², Wachter-Rodante NAH, Flores-Alfaro E^{1*}, Gomez-Zamudio J^{2*}

¹Laboratorio de Investigación en Epidemiología Clínica y Molecular, Universidad Autónoma de Guerrero

²Unidad de Investigación en Bioquímica Centro Médico Hospital Siglo XXI.

Los transportadores orgánicos de cationes codificados por los genes SLC22A1 y SLC22A2, son responsables de la absorción en los hepatocitos de la metformina. El objetivo del estudio fue evaluar si una variación genética en los genes SLC22A1 y SLC22A2 podría asociarse con el efecto de no responder a la metformina. Se estudiaron 308 pacientes con diabetes tipo 2 (DT2) de diagnóstico reciente (menor a 3 años) y que se encontraban en monoterapia con metformina durante 6 meses. Se obtuvieron 3 mediciones de los niveles sanguíneos de hemoglobina glicosilada (HbA1c) al inicio del estudio, a los 3 y a los 6 meses. Se analizaron cinco polimorfismos en los genes SLC22A1 y SLC22A2 por PCR en tiempo real y se analizó el efecto de estos sobre el cambio en el nivel de HbA1c. Excepto por los polimorfismos rs622342 y rs628031, no se observaron diferencias significativas en la respuesta a la metformina, encontrando que los individuos que portan el genotipo AA del SNP rs622342 tuvieron una disminución promedio de 0.1 % de HbA1c en comparación con los portadores del genotipo CC, quienes tuvieron un aumento medio de 0.5 % ($p=0.003$), es decir, los sujetos que presentan el genotipo AA disminuyeron cuatro veces en sus niveles de HbA1c en comparación con los portadores del genotipo CC y aquellos con genotipo AA del SNP rs628031 tuvieron un aumento de 0.6% de HbA1c. En conclusión, la variación genética en los SNPs rs622342 y rs628031 se relacionan significativamente con la variación en los niveles de HbA1c, un marcador importante del control glicémico en DT2, indicando el efecto que puede tener este gen en el control glicémico de los pacientes con DT2 tratados con metformina.

CNG2018 062**EFFECTO AMBIENTAL SOBRE GENOTIPOS DE MAÍZ SEGREGANTES DE LA POLIEMBRIONÍA**

Roblero Muñoz EG¹, Espinoza Velázquez J^{1*}, Rodríguez Herrera R²,
Torres Tapia A¹

¹Departamento de Fitomejoramiento, Programa de Maestría en Ciencias en Fitomejoramiento, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Buenavista, Saltillo, Coahuila, CP 25000.

²Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Coahuila, Blvd. V. Carranza y José Cárdenas Valdez S/N, Col. República Ote. 25280 Saltillo Coahuila, México, Tel. +52-844-4161238

*jespvel@uaaan.mx

La poliembrionía (PEm) en maíz, es una característica que le confiere potencial para incrementar su rendimiento, debido a la obtención de mayor número de plantas (matas) por superficie sembrada. La finalidad del presente trabajo está orientada a la determinación del efecto ambiental sobre genotipos segregantes de la PEm. La evaluación de los genotipos fue llevada a cabo en tres localidades (Rio Bravo, Tamaulipas., Buenavista, Saltillo, Coahuila y General Cepeda, Coahuila), se utilizaron 30 familias de MHM, 15 derivados de la población altura normal, alta poliembrionia (NAP), 15 derivados de la población altura normal, baja poliembrionia (NBP) y 6 genotipos segregantes de la poliembrionía de tercera generación. Los ensayos fueron establecidos bajo un diseño de bloques incompletos al azar con arreglo alfa-látice con tres repeticiones. Las variables obtenidas fueron días a floración masculina y femenina (DFM, DFF), altura de planta y mazorca (AP, AM) y porcentaje de poliembrionía (PEm). Con los datos obtenidos se realizó un análisis de varianza, correlación fenotípica entre variables, pruebas de comparaciones de medias (Tukey $\alpha=0.01$) y estimación de la interacción genotipo-ambiente mediante el modelo AMMI. Los resultados obtenidos permiten demostrar que existe interacción al ($p \leq 0.5$) de los genotipos a través de ambientes de acuerdo al análisis de varianza. En consideración a la madurez floral de los genotipos establecidos en Rio Bravo y General Cepeda 10 días antes que Buenavista y tomando en cuenta factores de inducción como la temperatura y luminosidad a madurez floral, la expresión de la PEm es favorecida demostrando una correlación fenotípica de 89 y 92 % (DFM y DFF respectivamente), contrariamente el efecto ocurre con las familias NBP que expresan el carácter en Buenavista. De acuerdo al gráfico biplot (AMMI 1 y 2) las familias C-11 y C-03 son estables a través de ambientes con frecuencia del 65 % de PEm, también permite identificar al genotipo "X" con mayor frecuencia 75 %, que corresponde al grupo GEN-3. La frecuencia de la PEm se ve favorecida en ambientes cálidos, por lo tanto no mantiene estabilidad baja, a través de ambientes.

CNG2018 063

ANÁLISIS DE INESTABILIDAD GÉNICA POR MEDIO DE LA EVALUACIÓN DE MICRONÚCLEOS EN SANGRE PERIFÉRICA DE NIÑOS CON SOBREPESO Y OBESIDAD

Cervantes Ríos E¹, Rodríguez Cruz L¹, Graniel Guerrero J², Mejía Pérez L³, Suárez Bonilla L⁴, Azamar Ávila AD⁴, Ortiz Muñoz R^{1*}

¹Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo.
Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa.

²Coordinación de Hospitalización. Hospital Pediátrico Iztapalapa.
Gobierno de la Ciudad de México.

³Coordinadora del Programa de Manejo Integral de la Obesidad.
Hospital Pediátrico Iztapalapa. Gobierno de la Ciudad de México.

⁴Laboratorio de Análisis Clínicos. Hospital Pediátrico Iztapalapa.
Gobierno de la Ciudad de México.

arom@xanum.uam.mx

Tanto la obesidad como el sobrepeso en edad pediátrica, son condiciones que desencadenan diversas alteraciones y en los últimos años se han asociado con inestabilidad génica, la cual a su vez se vincula con el inicio y desarrollo de eventos carcinogénicos. De acuerdo a la OCDE, existen diversos métodos para evaluar daño citogenético asociado a inestabilidad génica, entre ellos el ensayo de micronúcleos (MN). Estas estructuras son el resultado del rompimiento de la cadena de ADN y tienen un significado biológico claro: El ADN sufrió daño y no fue reparado, lo cual es un biomarcador de estrés genotóxico. Debido que para cualquier individuo es fundamental mantener la estabilidad génica, el objetivo de este trabajo fue evaluar el impacto que el sobrepeso y la obesidad infantil tienen sobre la misma utilizando el ensayo de MN. Se contó con la aprobación del Comité de Ética y Bioseguridad del Hospital Pediátrico Iztapalapa, del Gobierno de la Ciudad de México y se obtuvo consentimiento informado de los padres. Todos los individuos fueron sometidos a exámenes físicos y de gabinete, entre ellos la determinación de resistencia a la insulina. Se calculó el índice de masa corporal y se determinaron los percentiles para formar tres grupos de estudio: El control/normopeso (NP), el de niños con sobrepeso (SP) y el de niños obesos (OB). Se obtuvo sangre periférica de todos los niños participantes y se evaluó el porcentaje de MN en reticulocitos (RET-MN) usando citometría de flujo. Los resultados mostraron que los niños SP y OB presentaron resistencia a la insulina e hiperglucemia. También se observó que éstos presentaron mayor frecuencia de RET-MN (OB: 2.98%+0.3 y SP: 2.05%+0.3) en comparación con NP (0.45%+0.12). Los niños SP y OB presentaron 6.6 y 4.5 veces más RET-MN que los niños NP. Esos datos indican que el sobrepeso y la obesidad se relacionan con daño citogenético, el cual se asocia con inestabilidad génica. Esta condición representa un riesgo adicional para la salud de los niños con sobrepeso y obesidad.

CNG2018 064

PRUEBAS DE CITO Y GENOTOXICIDAD DE ACEITE COMERCIAL DE SEMILLA DE NEEM

Cruz Islas J¹, Hernández Valencia CG², Shirai Matsumoto K²,
Aguilar Santamaría MA^{1*}

¹Departamento de Ciencias de la Salud, UAMI.

²Departamento de Biotecnología, UAMI.

Av. San Rafael Atlixco 186, Col. Vicentina, 09340 Ciudad de México.
maas@xanum.uam.mx

A partir de *Azadiractha indica*, conocido comúnmente como árbol de Neem, se han aislado aproximadamente trescientos compuestos bioactivos que confieren a los extractos y aceites esenciales efectos antimicrobianos. La azadiractina, el limonoide encontrado en mayor concentración, es considerado el principio activo y se caracteriza por su actividad plaguicida; su uso más importante es el control de insectos en cultivos además de que su empleo en medicina herbolaria ha cobrado auge. En el Laboratorio de Biopolímeros de la UAMI se ha propuesto que el aceite de Neem pueda usarse como recubrimiento para prolongar la vida poscosecha de la pitaya (*Stenocereus*, fruto endémico de México) y para disminuir el crecimiento microbiológico y los índices de respiración y transpiración, para preservar sus propiedades organolépticas. El objetivo de este estudio fue determinar el efecto del aceite comercial de Neem sobre el índice mitótico y la frecuencia de aberraciones cromosómicas en meristemas radiculares de cebolla. Las cebollas se pusieron a germinar en agua destilada y en oscuridad; se distribuyeron en tres grupos: el experimental expuesto a aceite comercial de Neem a 16 mg/mL; otro expuesto al vehículo, aceite mineral grado alimenticio; y el testigo permaneció en agua destilada. La exposición duró una hora en oscuridad. Los meristemas se tiñeron con orceína acética, las preparaciones se obtuvieron por aplastamiento (squash); se analizaron en promedio 500 células de cada uno de los 20 meristemas de cada lote. En los tres lotes se encontró una proporción de células en mitosis muy similar (χ^2 , $p < 0.05$) y en todos se registraron puentes anafásicos y fragmentos con la misma frecuencia (χ^2 , $p < 0.05$). Estos resultados indican que el aceite de neem es inocuo pues no afecta la progresión de ciclo celular en la etapa de mitosis ni altera de manera significativa la estructura cromosómica por lo que puede tener aplicación en la industria alimentaria como recubrimiento para favorecer la conservación de la calidad de los frutos.

CNG2018 065

ESTUDIO GENÉTICO POBLACIONAL DEL PARGO LUNAREJO *Lutjanus guttatus* EN LAS COSTAS DEL PACÍFICO ORIENTAL TROPICALMar-Silva A F^{1,2}, Díaz-Jaimes P², Uribe-Alcocer M²

¹Posgrado en Ciencias del Mar y Limnología. Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, Circuito Exterior s/n Ciudad Universitaria México D.F.

²Laboratorio de Genética de Organismos Acuáticos Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, Circuito Exterior S/N Ciudad Universitaria México D.F.
afernandomarsil@gmail.com

Lutjanus guttatus es una especie de alto valor comercial, tiene una amplia distribución a lo largo de la costa del Pacífico Oriental Tropical (POT), en estadio adulto *L. guttatus* se asocia al sustrato rocoso del litoral del POT. El litoral rocoso es interrumpido por dos grandes extensiones de playa arenosa, conocidas como la brecha de Sinaloa y la brecha centroamericana. Los estudios genéticos poblacionales en organismos marinos son un reto por la aparente ausencia de barreras físicas que limiten el flujo de organismos, y los que se han realizado emplean marcadores que en muchas ocasiones recuperan patrones históricos que enmascaran procesos adaptativos actuales. Es por esto que trabajos que tengan como objetivo estudiar poblaciones de peces, que además tienen importancia comercial se vuelve prioridad; es necesario por tanto conocer y comprender el conocimiento adecuado para el manejo de especies explotables. La siguiente investigación empleo una técnica novedosa, llamada RADcap que es una variante de las metodologías RAD, las cuales emplean enzimas de restricción para fragmentar el genoma y de esta forma obtener Sitios Polimórficos Únicos (SNP's), las principales ventajas de RADcap, son la utilización de tres enzimas, que evitan duplicaciones en el proceso de PCR, además de emplear sondas únicas para la especie. Lo cual permite amplificar regiones polimórficas específicas. Se utilizaron 120 individuos de 10 poblaciones abarcando toda el área de distribución de la especie, se realizó un análisis de estructura empleando 1000 SNP's, observándose la formación de dos grupos bien diferenciados, los cuales deben ser considerados como stocks independientes que contribuyen a la variación genética de la especie, se concluye que la brecha centroamericana es la barrera que influye en la estructuración genética poblacional.

CNG2018 066**PROCESO DE ENSEÑANZA-APRENDIZAJE DE LA FARMACOGENÓMICA
A NIVEL LICENCIATURA EN LA FES CUAUTITLÁN**

Díaz Barriga-Arceo S*, Bonilla Sánchez R, Hernández Calderón ML,
Lima Villeda GA, Ortega Sánchez ME, Hernández Diego JC

Laboratorio de Genética, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán.
Proyecto PAPIME PE206518 Ave. Primero de Mayo S/N
Cuautitlán Izcalli, Edo de México C.P.54740
sadibar@unam.mx

La asignatura de Farmacogenómica se imparte en la FES Cuautitlán como una materia optativa de modalidad teórico-práctica que prepara a los estudiantes de las licenciaturas de Bioquímica Diagnóstica (BQD) y Farmacia (LF) en uno de los campos de las ciencias genómicas que mayor impacto tienen en su trabajo profesional. Es por ello, que se está dando a la tarea de fortalecer la enseñanza de la Farmacogenómica en la Facultad desarrollando actividades de difusión, elaborando materiales didácticos y sobre todo implementando, en su enseñanza experimental, tecnologías básicas para la investigación en este campo. El objetivo del trabajo experimental se ha centrado en aplicar algunas de las principales metodologías en farmacogenética que comprenden: la genotipificación de polimorfismos de nucleótido único (SNP) por RFLP's, por medio de la tecnología de sondas de hidrólisis (TaqMan); además de desarrollar un sistema para el estudio *in vitro* de la biotransformación de fármacos. Durante el transcurso de las actividades prácticas se ha solicitado a los estudiantes que expresen cuales son las competencias teórico, prácticas y éticas que han alcanzado durante este proceso de enseñanza. Es importante mencionar que la población estudiantil inscrita en esta asignatura fluctúa entre 5 y 15 alumnos en promedio cada semestre en el caso de la licenciatura en Bioquímica Diagnóstica y por parte de la licenciatura en Farmacia el número de estudiantes es entre 2 y 5. Los resultados han sido valiosos pues se han desarrollado varias líneas de investigación que comprenden el estudio de la frecuencia de polimorfismos del gen CYP2D6 en población juvenil, estudio de los polimorfismos de las principales enzimas relacionadas al metabolismo del metrotexato, evaluación *in vitro* del efecto inhibitorio de la enzima alcohol deshidrogenasa por un grupo de fármacos y alimentos de uso indiscriminado. Parte también de la evaluación del impacto de las acciones para el fortalecimiento de la enseñanza de la farmacogenómica ha sido la identificación de las competencias que los alumnos refieren que han alcanzado, pues ponen de manifiesto el apoderamiento del conocimiento y el adiestramiento experimental que se ha logrado.

CNG2018 067

ENSAMBLAJE DE NOVO Y ANOTACIÓN FUNCIONAL DEL TRANSCRIPTOMA DE CINCO ESPECIES DE MURCIÉLAGOS DE YUCATÁN, MÉXICO

Moreno-Santillán DD¹, Machain-Williams C², Hernández-Montes G³, Ortega-Reyes J^{1*}

¹ Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Departamento de Zoología, Ciudad de México, México.

² Universidad Autónoma de Yucatán, Laboratorio de Arbovirología. Yucatán, México.

³ Universidad Nacional Autónoma de México, Red de Apoyo a la Investigación, Ciudad de México, México.
artibeus2@aol.com

Los murciélagos componen el segundo orden de mamíferos más abundante en el mundo, ya que gracias a su capacidad de adaptación tienen una amplia distribución geográfica, encontrándose en todos los continentes con excepción la Antártida. En los años recientes, con la aparición de la secuenciación de nueva generación, se ha incrementado la necesidad de conocer la biología evolutiva de estos mamíferos, especialmente por su naturaleza como reservorios naturales de virus y su aparente inmunidad como resultado de procesos coevolutivos que han favorecido el desarrollo de un sistema inmune único y altamente polimórfico. En el presente estudio se realizó la secuenciación, ensamblaje y anotación funcional del transcriptoma de cinco especies de murciélagos: *Artibeus jamaicensis* (F. Phyllostomidae), *Mormoops megalophylla* (F. Mormoopidae), *Myotis keaysi* (F. Vespertilionidae), *Nyctinomops laticaudatus* (F. Molossidae) y *Peropteryx macrotis* (F. Emballonuridae). Se colectaron tres individuos por especie para su sacrificio y disección. Se extrajo el RNA total a partir de hígado para la construcción de 15 librerías genómicas, las cuales fueron procesadas en un secuenciador multiplex HiSeq 4000. Se obtuvieron un total de 403 millones de lecturas pareadas de 101 pb de longitud, con una profundidad de secuenciación de entre 30 y 69 millones de lecturas. El ensamblaje de novo produjo una media de 572,703 contigs no redundantes de los cuales se lograron recuperar entre el 65 y 75% de genes ortólogos de vertebrados, lo que sugiere una buena calidad y complejidad de los ensamblajes. Mediante la anotación funcional se encontraron términos de ontología genética relacionados con la respuesta inmune, en cuanto a procesos de función molecular se encontraron actividad de la lipasa y unión de glucógeno. Debido a la naturaleza de los murciélagos como reservorios naturales de virus, se realizó una anotación específica para encontrar la presencia de secuencias virales en los transcriptomas ensamblados mediante análisis bioinformáticos, en donde encontramos secuencias de al menos 10 familias de virus de DNA y RNA. Este es el primer reporte de ensamblaje y anotación de transcriptomas en estas especies, con excepción de *A. jamaicensis*, en donde se espera contribuir con la generación de bases de datos genómicas en murciélagos.

CNG2018 068**EFFECTO CITOTÓXICO DE LA EPIGALOCATEQUINA GALATO (EGCG), TÉ VERDE MATCHA Y TÉ VERDE SENSHA EN LA LÍNEA CELULAR DE ADIPOCTOS 3T3-L1**

Gutiérrez-Nájera TM, Loera-Castañeda V*, Burciaga-Nava JA, Lares-Assef I, Villanueva-Fierro I, Camacho-Luis A

CIIDIR-IPN Unidad Durango,
Sigma 119 Fracc. 20 de noviembre II C.P. 34220 Durango, Dgo. México.
Departamento de Bioquímica, Facultad de Medicina, Universidad Juárez del Estado de Durango,
Ave Universidad y Fanny Anitúa S/N, Durango, Dgo., 34000, México
thania_94@hotmail.com

Enfermedades cardiovasculares, cáncer, diabetes mellitus y sus complicaciones son causadas principalmente por la obesidad. Evidencia reciente señala que los cambios en la alimentación son determinantes para reducir la aparición de estos padecimientos. Los alimentos contienen grupos no nutritivos denominados nutraceuticos, como los polifenoles, que pueden otorgar un efecto protector por su capacidad para actuar a nivel celular y genético. Se ha demostrado previamente que la epigalocatequina-galato (EGCG) puede actuar en sitios promotores de genes específicos que se involucran en el proceso de adipogénesis, como *PPAR- γ* , potencializando su acción para disminuir la acumulación intracelular de lípidos en el adipocito. En el presente estudio se realizó un análisis comparativo entre el polifenol puro EGCG y el extracto acuoso de dos variedades de té verde (té verde matcha y té verde sencha) con un alto contenido de EGCG que va de un 35-45% de las catequinas totales, con la finalidad de observar su efecto citotóxico en la línea celular de adipocitos 3T3-L1 y así determinar las concentraciones que serán utilizadas en estudios posteriores que pretenden determinar el efecto de regulación genética de la EGCG. Se sembraron 6 placas de 96 pozos (3 incubadas por 48 horas y 3 por 72 horas) a una densidad de 10,000 células por pozo, se les añadieron diferentes concentraciones (10, 20, 50, 100, 150 y 200 mM/mL) de la EGCG y los extractos acuosos, se incubaron por 48 y 72 horas. Los resultados mostraron que la EGCG y los extractos de té verde matcha y sencha ejercen un efecto citotóxico (CL_{50}) en las células 3T3-L1 entre las cantidades de 156.1-165.3 mM/mL, siendo la EGCG quien durante este periodo de incubación tiene una CL_{50} de 165.3 mM/mL. La placa expuesta a los agentes de prueba en las concentraciones establecidas por 72 horas mostró tener un efecto citotóxico entre las cantidades de 138.7-143.1mM/mL. Para el análisis estadístico se empleó una ANOVA factorial, se observó que existen diferencias significativas ($p=0.032$) entre los tres agentes de prueba. Se concluye que las células 3T3-L1 toleran concentraciones elevadas de los agentes utilizados, sosteniendo una viabilidad celular del 50% en dosis cercanas a los 150 mM/mL.

CNG2018 069

***Xylocopa (Neoxylocopa) cearensis* DUCKE, 1911 Y *Xylocopa (NEOXYLOCOPA) carbonaria* (SMITH 1854), ¿FORMAS DE UNA MISMA ESPECIE? UN ANÁLISIS CON DATOS MOLECULARES**

Mello Cerato B¹, Zanella FC^{*1,2}, Fernandes MG¹, Agostini J², Franoso E³,
Arias MC³, Sanchez-Alarcon J^{4,5}

¹Ciencias Biologicas, ILACVN, Universidade Federal da Integrao
Latino-Americana – UNILA. Foz do Iguau, PR, Brazil

²Programa de Pos-Graduao em Biodiversidade Neotropical – UNILA.
Foz do Iguau, PR, Brazil

³Universidade de So Paulo - Instituto de Biociencias,
Departamento de Gentica e Biologia Evolutiva - So Paulo. SP, Brazil.

⁴Laboratorio “Rafael Villalobos Pietrini” de Toxicologa Genmica y Qumica Ambiental, Facultad
de Agrobiologia – UATx. Ixtacuixtla de Mariano Matarros, Tlaxcala, Mxico.

⁵Cuepo Acadmico Ambiente y Gentica UATLX-CA-223

*Autor para correspondencia: fcvzanella@gmail.com

La tcnica de DNA Barcoding es muy til para la clasificacin taxonmica de diversos grupos de organismos como las abejas. En el cuestionamiento de la separacin de dos especies, el empleo de anlisis moleculares en oposicin a la taxonom clsica es muy til, pero su potencial es limitado por la presencia de copias nucleares del gen COI (numts). Para comenzar el anlisis, se observaron los caracteres morfolgicos y se compararon ejemplares de taxonomistas brasilenos y sus holotipos. Fueron analizados especmenes de dos especies nominales: *X. carbonaria* y *X. cearensis*, que se han considerado como la variacin de una especie nica. Esencialmente se distinguen por el color de la pilosidad del metasoma, negro o fulvioso, respectivamente, y ocurren en simpatra en toda la regin seca del noreste de Brasil. Se seleccionaron muestras de los dos morfotipos, *melnicos* y *tpicos*, de casi todo su rango de distribucin, para la extraccin, amplificacin y secuenciacin de DNA. La colecta de datos se hizo a travs del Qubit D-Neasy para sangre y tejidos, siguiendo el protocolo de purificacin de DNA total de tejidos animales (Spin-Column Protocol) usando la amplificacin del sitio citocromo C oxidasa I (COI) a travs de los *primers* Barbeef y mtD9. El secuenciamiento fue realizado por la compana MacroGen, la edicin de cdigos genticos elaborada en el software Geneious 7.1 y la construccin de rboles principales en MrBayes. Los resultados revelaron una buena cantidad de DNA en la mayora de las muestras, pero la mayora posea muchas similitudes con taxa muy distantes, a ejemplo de Meliponini. Este resultado se interpret como debido a la presencia de numts en las secuencias. Los anlisis Bayesianos dieron como resultado cuatro grupos principales que mezclan individuos tpicos y melnicos, lo que da soporte a la interpretacin de que pertenecen a un linaje nico. Se necesitan ms estudios para la caracterizacin de numts en esta especie, y para obtener un mayor apoyo para la interpretacin de que estos dos morfotipos son, de hecho, una misma especie.

CNG2018 070

INDUCCIÓN DE MICRONÚCLEOS EN CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE *Vicia faba* POR EXPOSICIÓN A AGUAS SUPERFICIALES

Arenas-Sánchez H¹, Sánchez-Alarcón J^{1,2,3,4,5}, Pérez Sánchez M⁶, Gregorio Jorge J⁷, Gómez-Olivares JL⁸, López-Durán RM⁸, Minor-Caballero AE^{1,2}, Tenorio-Arvide MG^{4,9}, Valera Pérez MA^{4,9}, Valencia-Quintana R^{1,2,3,4,5*}

¹Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala,

²Laboratorio de Toxicología Genómica y Química Ambiental "Rafael Villalobos-Pietrini", Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km. 10.5 Autopista San Martín Texmelucan-Tlaxcala S/N, C.P. 90120, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, Tlaxcala, México

³Cuerpo Académico Ambiente y Genética UATLX-CA-223

⁴Red de Investigadores sobre la Cuenca del Río Balsas

⁵Red Temática Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua CONACyT-UTIM

⁶Maestría en Ciencias Biológicas, CTBC, Universidad Autónoma de Tlaxcala,

⁷Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología - Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada (CIBA-IPN), Av. Insurgentes Sur 1582, Col. Crédito Constructor, Del. Benito Juárez, Ciudad de México, México

⁸Departamento de Ciencias de la Salud, División de Ciencias Biológicas y de la Salud, UAM-Iztapalapa, México

⁹Departamento de Investigación en Ciencias Agrícolas, Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México

*Autor para correspondencia: prvq2004@yahoo.com.mx

La detección de agentes químicos peligrosos en cuerpos de agua, mediante ensayos de toxicidad en bioensayos vegetales es un método de rutina ampliamente aceptado en los programas de monitoreo ambiental. La cuenca del Alto Balsas presenta varios problemas de deterioro, entre los que se encuentran vertidos de aguas residuales, descarga de residuos sólidos, deforestación, pérdida de biodiversidad y manejo incorrecto de agroquímicos. Como parte de esta cuenca, el río Zahuapan, principal caudal del Estado de Tlaxcala, no es ajeno a esta problemática y en la actualidad el incremento de la industria, el manejo inadecuado de las actividades agrícolas y el crecimiento demográfico, han contribuido a su contaminación. La evaluación de la toxicidad de las aguas de los ríos como método complementario al análisis físico, químico y biológico proporciona una información integral de la calidad del agua. Por ello, el objetivo del presente estudio fue determinar los niveles de citotoxicidad y genotoxicidad de las aguas de la microcuenca del río Totolac, evaluando el índice mitótico y determinando la frecuencia de micronúcleos en células meristemáticas de la raíz de *Vicia faba*. Para ello, semillas de *Vicia faba* se pusieron a germinar y cuando las raíces alcanzaron entre 2 y 3 cm fueron expuestas durante cuatro horas, a muestras de agua tomadas a lo largo del río. Posteriormente fueron sometidas a un baño de recuperación de 18 y 44 horas, seguido de la preparación de las laminillas para su análisis al microscopio. Como control de la calidad del ensayo, otros lotes de habas fueron expuestos a agua destilada y dicromato de potasio (0.05%) como testigos negativo y positivo respectivamente. De acuerdo con los valores mínimos permisibles establecidos por la NOM-001-SEMARNAT-1996, los resultados de los análisis fisicoquímicos, indican que el agua del río Totolac es de "calidad aceptable". Sin embargo, en la prueba de micronúcleos se observa que la mayoría de las muestras incrementa la frecuencia de este biomarcador. Con relación al índice mitótico, solo una muestra produjo una ligera disminución. Por lo anterior se infiere que el afluente del río Totolac contiene compuestos genotóxicos que potencialmente pueden impactar el ecosistema.

CNG2018 071

**ALTERACIONES NUCLEARES EN PERSONAS LABORALMENTE
EXPUESTAS A PLAGUICIDAS. ESTUDIO PRELIMINAR**

Cortés-Angoa R, Sánchez-Alarcón J^{1,2,3,4}, Pérez-Zempoalteca Y²,
Montiel González JMR^{1,2,3}, Reyes Cerón A¹, Hueletl-Soto ME^{1,2},
Gómez-Olivares JL⁵, Valencia-Quintana R^{1,2,3,4*}

¹Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala,

²Laboratorio de Toxicología Genómica y Química Ambiental "Rafael Villalobos-Pietrini", Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km. 10.5 Autopista San Martín Texmelucan-Tlaxcala S/N, C.P. 90120, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, Tlaxcala, México

³Cuerpo Académico Ambiente y Genética UATLX-CA-223

⁴Red Temática de Toxicología de Plaguicidas CONACyT-UANayarit

⁵Departamento de Ciencias de la Salud. Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, México

*prvq2004@yahoo.com.mx

El uso extensivo de plaguicidas en el sector agrícola puede generar amenazas sustanciales para el ambiente y la salud humana. Estos agentes contienen una gran variedad de componentes que difieren en su composición y propiedades, algunos de los cuales han sido clasificados como cancerígenos por la Agencia Internacional para la Investigación del Cáncer. En el contexto de la exposición ocupacional, los agricultores son los individuos con mayor riesgo. La exposición a plaguicidas se ha asociado con una serie de efectos negativos a la salud, como la disrupción endócrina y el cáncer entre otros. A pesar de las evidencias acumuladas de la relación entre la genotoxicidad con la exposición a plaguicidas los estudios que abordan esta problemática en México y particularmente en Tlaxcala son escasos. Por ello, en el presente trabajo se evaluó la presencia de anomalías nucleares en células epiteliales de la mucosa oral de agricultores expuestos a plaguicidas en el estado de Tlaxcala, determinando las frecuencias de micronúcleos, células binucleadas, cariorrexis, cariolisis, así como núcleos lobulados, picnóticos y condensados, en un estudio preliminar. Resultados: el análisis de las células bucales reveló que la frecuencia de MN varía de 0.02 ± 0.03 a 0.28 ± 0.18 , con un promedio de 0.14 ± 0.09 . Con relación a las células binucleadas su frecuencia fue mayor que la de MN y estuvo en un rango que varió de 0.95 ± 0.06 a 2.30 ± 0.50 , con un promedio de 1.81 ± 0.23 . Los núcleos lobulados y la cariolisis fueron las anomalías nucleares que se presentaron con las menores frecuencias en los diferentes individuos. Sin embargo al comparar las medias de los individuos expuestos (N=5), con las medias de un testigo histórico (N=30) solo la frecuencia de células binucleadas presentó diferencias significativas. Se recomienda ampliar el tamaño de muestra de la población expuesta a plaguicidas para determinar el riesgo potencial de genotoxicidad inducida por la exposición laboral y determinar la influencia de factores como la edad y tiempo de exposición, ya que está ha sido demostrada en otra población del mismo estado con estos mismos biomarcadores, así como en la prueba del ensayo cometa.

Agradecimientos: **Proyecto respaldado por FOINS-CONACyT referencia 3203.** A la Red Temática de Toxicología de Plaguicidas (CONACyT-262284/280045/294303)

CNG2018 072

DAÑO AL DNA EN CÉLULAS DE MUCOSA ORAL DE TRABAJADORES AGRICOLAS EXPUESTOS A PLAGUICIDAS

Sánchez-Alarcón J^{1,2,3,4}, Ochoa-Ocaña MA⁵, Milic M⁶, Gómez-Olivares JL^{4,7}, Flores-Márquez AR⁸, Cortés-Eslava J⁸, Gómez-Arroyo S⁸, Hueletl-Soto ME^{1,2}, Bonassi S⁹, Valencia-Quintana R^{1,2,3,4*}

¹Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, México

²Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Tlaxcala, México

³CA UATLX-CA-223 Ambiente y Genética, UATx, México

⁴Red Temática Toxicología de Plaguicidas CONACyT-UA Nayarit, México

⁵Unidad Académica de Estudios Regionales, Coordinación de Humanidades, UNAM

⁶Mutagenesis Unit, Institute for Medical Research and Occupational Health, Zagreb, Croatia

⁷Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, México

⁸Laboratorio de Genotoxicología Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM, México

⁹Unit of Clinical and Molecular Epidemiology, IRCCS San Raffaele Pisana, Rome, Italy

*prvq2004@ahoo.com.mx

Tlaxcala, México es un estado agrícola, por lo que el control de plagas es esencial, y el método más eficaz es utilizar agentes químicos. Sin embargo, éstos representan una fuente importante de exposición a compuestos potencialmente tóxicos. Algunos estudios reportan que la exposición ocupacional a plaguicidas aumenta los niveles de daño en el DNA, evidenciados por varios biomarcadores como aberraciones cromosómicas, intercambio de cromátidas hermanas, micronúcleos y otras anormalidades nucleares. Recientemente, también se ha utilizado el ensayo cometa, un método versátil y sensible para evaluar los daños en el DNA a nivel de célula individual, en estudios de biomonitorio genotóxico de trabajadores expuestos ocupacionalmente a plaguicidas, debido a su simplicidad y sensibilidad, y al pequeño número de células necesarias para obtener resultados sólidos. En este estudio, se empleó el ensayo cometa para evaluar el daño en el DNA en células de mucosa oral de 25 agricultores de Tlaxcala, México. Los resultados muestran daño, con un momento de la cauda que va de 0.414 a 2.298 con un promedio de 1.084, contrastando con el valor encontrado en trabajadores no expuestos que fue de 0.328. Aplicando la prueba de *t* de Student se encuentra que las diferencias entre las medias de los dos grupos son estadísticamente significativas ($P=0.009$). Se analizaron algunos factores como, la edad, el tipo de actividad y el tiempo de laborar en ésta. Al aplicar las pruebas estadísticas correspondientes, en el caso de la edad no se encontraron diferencias significativas ($P=0.239$), en cuanto al tipo de actividad las medias de los asperjadores y cortadores fueron estadísticamente significativas al compararlas con la media del grupo testigo ($P=0.020$), sin embargo, al compararlas entre ellos, las diferencias no fueron significativas ($P=0.428$), por último, al analizar la influencia de la antigüedad ejerciendo una de las dos actividades evaluadas, solo en el caso de los asperjadores las diferencias encontradas entre trabajadores con menos de 20 años y mayores de 20 años de antigüedad, fueron estadísticamente significativas ($P=0.019$). El trabajo evidenció daño genotóxico en trabajadores expuestos. Los resultados obtenidos indican la necesidad de promover acciones preventivas.

Agradecimientos: **Proyecto respaldado por FOINS-CONACyT referencia 3203.** A la Red Temática de Toxicología de Plaguicidas (CONACyT-262284/280045/294303)

CNG2018 073

DAÑO AL DNA EN PERSONAS LABORALMENTE EXPUESTAS A PLAGUICIDAS. EVALUACIÓN PRELIMINAR CON EL ENSAYO COMETA

Pérez-Sánchez M¹, Sánchez-Alarcón J^{2,3,4,5}, Arenas-Sánchez H²,
Montiel González JMR^{2,3,4}, Mello-Cerato B⁶, Hueletl-Soto ME^{2,3},
López-Durán RM⁷, Gómez-Olivares JL⁷, Valencia-Quintana R^{2,3,4,5*}

¹Maestría en Ciencias Biológicas, CTBC, Universidad Autónoma de Tlaxcala,

²Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala

³Laboratorio de Toxicología Genómica y Química Ambiental "Rafael Villalobos-Pietrini",
Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km. 10.5 Autopista San Martín Texmelucan-
Tlaxcala S/N, C.P. 90120, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, Tlaxcala, México

⁴Cuerpo Académico Ambiente y Genética UATLX-CA-223

⁵Red Temática de Toxicología de Plaguicidas CONACyT-UANayarit

⁶Ciências Biológicas, ILACVN, Universidade Federal da Integração
Latino-Americana – UNILA. Foz do Iguacu, PR, Brazil

⁷Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, México

*prvq2004@yahoo.com.mx

A través del mundo, los plaguicidas han sido ampliamente usados desde los 1940's. En México el uso de agentes químicos en la agricultura se ha incrementado significativamente con el propósito de proteger los cultivos y controlar las plagas. Tlaxcala no es la excepción y los trabajadores agrícolas están expuestos simultáneamente a una mezcla compleja de plaguicidas tales como organofosforados, organoclorados y piretroides entre otros. Los riesgos a la salud que pueden estar asociados con la exposición crónica a bajas dosis de plaguicidas se deben abordar con más detalle. Los efectos a largo plazo son a menudo difíciles de evaluar, ya que los signos y síntomas asociados pueden no manifestarse clínicamente. Por tal motivo en esta evaluación preliminar, el ensayo cometa en linfocitos de sangre periférica, fue empleado para analizar los efectos de la exposición a plaguicidas en agricultores de Tlaxcala, México, debido a la falta de estudios sobre los efectos de estos compuestos en este estado. Se obtuvieron muestras de sangre periférica de 5 trabajadores agrícolas, expuestos a plaguicidas y un grupo testigo (N=30). Se realizó el ensayo cometa en sangre completa, analizando 100 núcleos al azar por cada muestra y su repetición. Se analizó el daño al ADN, 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 (IDT). Los resultados obtenidos muestran una relación entre la exposición laboral a plaguicidas y el daño al ADN, en comparación con la población testigo. El grupo expuesto presentó un porcentaje de 28.87% de núcleos con cometa, contrastando con el 14.57% del testigo. Por otra parte, el IDT para el grupo expuesto varió de 27.67 hasta 55.33, con un promedio de 43.17, que contrasta con un IDT de 15.14 para el testigo histórico. El ensayo cometa resulto adecuado para determinar el daño al DNA que refleja la exposición continua a agentes genotóxicos. No obstante, se recomienda incrementar el tamaño de muestra para determinar los riesgos a la salud de los trabajadores por la exposición a plaguicidas, además de correlacionar los efectos encontrados con variables.

Agradecimientos: **Proyecto respaldado por FOINS-CONACyT referencia 3203.** A la Red Temática de Toxicología de Plaguicidas (CONACyT-262284/280045/294303)

CNG2018 074

EVALUACIÓN DEL POTENCIAL GENOTÓXICO DE FUENTES DE AGUA POTABLE EN EL ESTADO DE TLAXCALA

Vergara-Aragón CF¹, Sánchez-Alarcón J^{1,2,3,4,5}, Flores-Márquez AR⁶, Cortés-Eslava J⁶, Maldonado-Delgado S⁷, Gómez-Olivares JL⁸, López-Durán RM⁸, Tenorio-Arvide MG^{4,9}, Valera Pérez MA^{4,9}, Valencia-Quintana R^{1,2,3,4,5*}

¹Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala,

²Laboratorio de Toxicología Genómica y Química Ambiental "Rafael Villalobos-Pietrini", Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km. 10.5 Autopista San Martín Texmelucan-Tlaxcala S/N, C.P. 90120, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, Tlaxcala, México

³Cuerpo Académico Ambiente y Genética UATLX-CA-223

⁴Red de Investigación sobre la Cuenca del Río Balsas

⁵Red Temática Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua CONACyT-UTIM

⁶Laboratorio de Genotoxicología Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM

⁷Doctorado en Desarrollo Regional, Colegio de Tlaxcala

⁸Departamento de Ciencias de la Salud, División de Ciencias Biológicas y de la Salud. UAM-I, México

⁹Departamento de Investigación en Ciencias Agrícolas, Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México

*prvq2004@yahoo.com.mx

Con la creciente población y la disminución de la disponibilidad de recursos de agua dulce, el mundo continúa expandiendo el uso de recursos hídricos alternativos para beber; la calidad de estas fuentes ha sido una gran preocupación para la población y para los profesionales de la salud pública. Las aguas superficiales, como ríos, lagos y mares, reciben gran cantidad de aguas residuales de origen industrial, agrícola y doméstico. Sin embargo, a pesar de que éstas contienen diversos compuestos desconocidos, se utilizan como fuente de agua potable, así como para actividades agrícolas y recreativas. En consecuencia, la contaminación de éstas puede representar un grave problema. Las aguas superficiales se emplean cada vez más porque las aguas subterráneas suelen estar contaminadas por compuestos orgánicos persistentes. En el estado de Tlaxcala las principales fuentes de abastecimiento son pozos profundos (86%) y en menor proporción manantiales (13%), cuya calidad no ha sido analizada. Con el fin de evaluar la posible presencia de agentes genotóxicos en el agua, además de los análisis fisicoquímicos, los ensayos de mutagenicidad / genotoxicidad deben incluirse en los programas de monitoreo de su calidad. En el presente estudio se empleó el ensayo cometa en células meristemáticas de la raíz de *Vicia faba*, para monitorear las respuestas genotóxicas del agua de dos manantiales y de la llave de cuatro comunidades del estado de Tlaxcala. Raíces de *Vicia faba* fueron tratadas durante 2 horas con las muestras de agua mencionadas y el análisis de los cometas se realizó en un microscopio de fluorescencia con ayuda del programa para análisis de imágenes Comet Assay IV. Todas las muestras incrementaron la frecuencia de daño determinado por la longitud, intensidad y momento de la cauda. En los manantiales el daño observado fue cuatro veces mayor que el inducido por el testigo negativo (agua embotellada), respuestas similares fueron inducidas por el agua de la llave de dos comunidades y las otras dos indujeron un daño equivalente al producido por el testigo positivo (H₂O₂). Los datos indican que las fuentes de agua contienen compuestos potencialmente genotóxicos.

CNG2018 075

**POTENCIAL GENÓTOXICO DE SEDIMENTOS DEL ARROYO TOTOLAC,
TLAXCALA EN *Vicia faba***

Hernández-Hernández A^{1,2}, Sánchez-Alarcón J^{1,2,3,4,5},
Arenas-Sánchez H¹, Muñoz-Gallo GA¹, Reyes-Cerón A¹, López-Durán RM⁶,
Suárez-Sánchez J^{1,4}, Muñoz-Nava H^{4,7}, Grada-Yautentzi JAR¹,
Valencia-Quintana R^{1,2,3,4,5*}

¹Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala,

²Laboratorio de Toxicología Genómica y Química Ambiental "Rafael Villalobos-Pietrini", Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km. 10.5 Autopista San Martín Texmelucan-Tlaxcala S/N, C.P. 90120, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, Tlaxcala, México

³Cuerpo Académico Ambiente y Genética UATLX-CA-223

⁴Red de investigación sobre la cuenca del río Balsas

⁵Red Temática Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua CONACyT-UTIM

⁶Departamento de Ciencias de la Salud, División de Ciencias Biológicas y de la Salud. UAM-I, México

⁷Licenciatura en Ciencias Ambientales, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala

* prvq2004@yahoo.com.mx

Los sedimentos son parte importante de los ecosistemas acuáticos. Éstos son fuente de nutrientes para microorganismos, plantas y animales. Contrariamente, éstos son fuente importante de contaminantes, que pueden acumularse y encontrarse en una concentración mayor a la hallada en aguas superficiales, representando un riesgo para la integridad de los organismos expuestos. Su análisis es fundamental para identificar el tipo, concentración y fuente de los xenobióticos; sin embargo, no siempre presentan datos sobre las consecuencias de éstos sobre los organismos expuestos ni información sobre sus efectos sinérgicos o antagónicos o sobre su biodisponibilidad. Por tal motivo el presente estudio fue diseñado con el propósito de determinar el potencial cito- y genotóxico de los sedimentos del arroyo Totolac, que forma parte de la cuenca alta del río Balsas en el estado de Tlaxcala. Las muestras fueron colectadas en 8 puntos lo largo de la microcuenca del Totolac y su potencial cito- y genotóxico fue evaluado usando la prueba de micronúcleos (MN) en células meristemáticas de la raíz de *Vicia faba*. Los resultados muestran que los sedimentos de los diferentes sitios muestreados a lo largo del arroyo Totolac inducen efectos cito- y genotóxicos significativos en este sistema de prueba. La frecuencia de MN se incrementa desde el primer punto muestreado, observándose una disminución en los sitios 2, 3 y 4 con respecto a este valor, pero mayores que las encontradas en el testigo negativo, posteriormente la frecuencia de MN vuelve a incrementarse conforme avanza el arroyo de una forma directamente proporcional, hasta el último punto muestreado, arroyo abajo. Los efectos citotóxicos fueron evidenciados por la disminución del índice mitótico provocado por los sedimentos de los diferentes sitios muestreados, el efecto fue muy similar a lo largo de los diferentes sitios, observándose un valor significativamente menor al encontrado en el testigo negativo (agua destilada) y muy similar el provocado por el testigo positivo [dicromato de potasio (0.05%)]. Mayor investigación sobre la calidad de los sedimentos deberá incluir la determinación de las concentraciones de los contaminantes prioritarios y no prioritarios, con el propósito de identificar los compuestos responsables de los efectos encontrados.

CNG 2018 076

IDENTIFICACIÓN DE BIOMARCADORES DE EXPOSICIÓN, EFECTO Y SUSCEPTIBILIDAD GENÉTICA EN TRABAJADORES EXPUESTOS OCUPACIONALMENTE A PLAGUICIDAS

Santillán Sidón AP¹, Vázquez Boucard C*³, Pérez Morales R², Ruiz Baca E¹ Anguiano Vega GA¹, Olivas Calderón EH²

¹Facultad de Ciencias Químicas-UJED Durango,

²Facultad de Ciencias Químicas-UJED, Gómez Palacio,

³Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste S.C
paty_20_san@hotmail.es

Los biomarcadores son eventos en muestras o sistemas biológicos y se interpretan como indicadores del estado de salud, de la esperanza de vida o del riesgo de enfermedad. En general éstos se clasifican en tres grupos: de exposición, efecto o susceptibilidad. En este trabajo se propuso identificar biomarcadores de exposición (concentración de compuestos organoclorados en suero), efecto (determinación de acetilcolinesterasa (AChE) y Glutación S-Transferasa (GST)) y susceptibilidad genética (polimorfismos de genes *GSTM1*, *GSTT1* y *CYP1A1*), en personal expuesto a plaguicidas. Para ello, previa firma de consentimiento informado y llenado de encuesta de factores de riesgo, se recolectó por venopunción muestra sanguínea de 83 varones expuestos a plaguicidas, los cuales se estratificaron de acuerdo al tiempo de exposición. Mediante cromatografía de gases se cuantificó la presencia de compuestos organoclorados, por espectrofotometría se midió la actividad enzimática de AChE y GST. Las frecuencias genóticas fueron analizadas mediante PCR múltiple y RFLPs. Los resultados del análisis de 19 OCs indicaron la presencia de endosulfan en mayor frecuencia y las concentraciones totales de OCs ($\mu\text{g/L}$) fueron superiores en aquellos grupos con mayor tiempo de actividad laboral. Respecto a la actividad bioquímica de las enzimas, GST mostró una mayor actividad conforme incrementa el tiempo laboral ($p < 0.05$) y el comportamiento de acetilcolinesterasa se observó de manera inversa. Finalmente con relación a la presencia de polimorfismos de susceptibilidad, se observó una mayor concentración de OCs totales ($p < 0.05$) en participantes con genotipo de riesgo para *CYP1A1*. El resultado del trabajo puso de manifiesto la capacidad bioacumulativa de los OCs, la variación enzimática de GST y AChE como respuesta del organismo al tiempo de exposición así como el rol de ciertos polimorfismos en la respuesta de detoxificación del organismo.