

REVista INTERNacional de
CONTAMinación
AMBIEntal

volumen 38, 2022

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

MEMORIAS

CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2022

ISSN – 0188 4999

Editores

JUANA SÁNCHEZ-ALARCÓN
JOSEFINA CORTÉS-ESLAVA
ANA ROSA FLORES-MÁRQUEZ
VICTORIA CAMPOS-PEÑA
RAFAEL VALENCIA-QUINTANA



DOI: 10.20937/RICA.2022.38.MSMG

REVista INTernacional de
CONTAMinación
AMBIEntal

volumen 38, 2022

ISSN – 0188 4999

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

MEMORIAS

CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2022

SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA

DOI: 10.20937/RICA.2022.38.MSMG

MEMORIAS

CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA DE LA SMG 2022

Índice

	Página
Mesa directiva Sociedad Mexicana de Genética 2021-2023	i
IES organizadoras	ii
Comité organizador	v
Comité científico	vi
Agradecimientos	vii
Índice de autores	ix
Resúmenes	1



MESA DIRECTIVA SMG 2021-2023



M en C. Irma Elena Dueñas García

Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM
Presidente

Dra. Juana Sánchez Alarcón

Facultad de Agrobiología, UATx, Tlaxcala
Vicepresidente

M en C. Luis Felipe Santos Cruz

Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM
Secretario

Dra. Victoria Campos Peña

Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, CDMX
Tesorera

Dr. Edgar Hernández Zamora

Instituto Nacional de Rehabilitación; CDMX

Dra. Josefina Cortés Eslava

Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM

Dr. Alejandro Ángeles Espino

División de Ciencias Agronómicas, UDG, Jalisco

Dr. Guillermo Bojórquez Rangel

Instituto de Ciencias Biomédicas, UACJ, Chihuahua.

Dr. Juan Flores Gracia

División de Estudios de Posgrado e Investigación, ITCV, Tamaulipas.

Vocales

Instituciones organizadoras

Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias (CUCBA) de la Universidad de Guadalajara (UdeG)

Dra. Graciela Gudiño Cabrera
Rectora

Dra. Martha Isabel Torres Morán
Coordinadora de Investigación

Dr. Salvador Mena Mungía
Director de División CUCBA

Dr. Enrique Pimienta
Jefe de Departamento



ITESO
Universidad Jesuita
de Guadalajara



Instituciones organizadoras

Instituto Tecnológico de Tlajomulco (ITTJ) del Tecnológico Nacional de México (TecNM)

M. en M. Ramón Jiménez López
Director General del TecNM

M. en C. María Isabel Becerra Rodríguez
Directora del ITTJ

M. en C. Ana Isabel Barajas Ramos
Subdirectora Académica (ITTJ)

Dr. Miguel Ángel Segura Castruita
Subdirector de Planeación y Vinculación (ITTJ)

Lic. Claudia Virginia Franco Lara
Subdirección de Servicios Administrativos (ITTJ)



ITESO
Universidad Jesuita
de Guadalajara



Instituciones organizadoras

Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Occidente (ITESO), Universidad Jesuita de Guadalajara

Dr. Alexander Zatyryka, SJ
Rector

Dra. Catalina Morfín López
Dirección General Académica

Consejo Regulador del Tequila

Lic. Miguel Ángel Domínguez Morales
Presidente

Lic. Ramón Gómez Figueroa
Director General



ITESO
Universidad Jesuita
de Guadalajara



COMITÉ ORGANIZADOR

M en C. Irma Elena Dueñas García
Dra. Juana Sánchez Alarcón
M en C. Luis Felipe Santos Cruz
Dra. Victoria Campos Peña
Dr. Edgar Hernández Zamora
Dra. Josefina Cortés Eslava
Dr. Alejandro Ángeles Espino
Dr. Guillermo Bojórquez Rangel
Dr. Juan Flores Gracia

Sociedad Mexicana de Genética

Dr. Eduardo Rodríguez Guzmán y Dra. Paola Andrea Palmeros
Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias (CUCBA)
de la Universidad de Guadalajara (UdeG)

Dr. Juan Florencio Gómez Leyva
TecNM, Instituto Tecnológico de Tlajomulco

Dr. Oscar Ariel Rojas Rejón
Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Occidente,
Universidad Jesuita de Guadalajara

Dr. Guillermo Briceño
Consejo Regulador del Tequila



ITESO
Universidad Jesuita
de Guadalajara



COMITÉ CIENTÍFICO

Dr. Eduardo Rodríguez Guzmán
Dr. Benito Donato Minjarez Vega
Dra. Yuri Rodríguez Yáñez
CUCBA de la UdeG

M. en C. Irma Elena Dueñas
M en C. Luis Felipe Santos Cruz
M. en C. Ma. De Jesús Laura Castañeda Partida
M. en C. María Eugenia Heres y Pulido
Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM

Dra. Victoria Campos Peña
Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, CDMX

Dr. Edgar Hernández Zamora
Instituto Nacional de Rehabilitación; CDMX

Dr. Alejandro Ángeles Espino
División de Ciencias Agronómicas, UDG, Jalisco

Dr. Juan José Rodríguez Mercado
Facultad de Estudios Superiores-Zaragoza, Campus II, UNAM

Dr. Juan Florencio Gómez Leyva
Instituto Tecnológico de Tlajomulco



AGRADECIMIENTOS

LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA AGRADECE EL APOYO OTORGADO POR



AGRADECIMIENTOS

LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA AGRADECE EL APOYO OTORGADO POR

C. Alejandro Aguirre Curie
Presidente Municipal de Chapala

Ing. Salvador Zamora Zamora
Presidente Municipal de Tlajomulco

**REVista INTERNacional de
CONTAMinación
AMBIEntal**

Estudios Yevco



ITESO
Universidad Jesuita
de Guadalajara



Índice de autores

Autor	Páginas
Aarland, R.C.	42
Abraham Juárez, M.J.	54
Acevedo Hernández, G.J	25 42
Aguilar Lemarroy, A.	15 94
Aguirre Meneses, H.	49
Ahuactzi-Cortes, H.	62
Albores, A.	75
Alcántara-Mejía, V.A.	79
Álvarez-Barrera, L.	29 59 63 72 76 79
Álvarez González, I.	49 69
Álvarez-Moya C.	87 88
Ángeles Espino, A.	21 55
Aquino-Gálvez, A.	47
Araujo Monsalvo, V.M.	49
Arellano Llamas, M.R	31
Ayala Valdovinos, M.Á.	19 89 90 91
Azevedo Silva, A.R.	51
Barrera Martínez, I.C.	61
Barrios-García, T.	78
Berraondo López, P.	9
Bivián-Castro, E.Y.	36
Bocanegra-Márquez, K.G.	36
Borjas Rodriguez, A.	41
Campos Aguilar, M.	96 99
Campos, J.E.	51
Cano-Salazar, P.	81
Cárdenas Enriquez, D.P.	53
Carlos-Reyes, A.	47
Casarrubias-Castillo, K.	56
Casas Ávila, L.	13 35 52 93
Casas Godoy, L.	61
Castañeda Partida, M.J.L	4 81 82 86 99
Castellanos-Hernández, O.A.	42
Cayetano-Velazquez, M.A.	82
Cazares Martínez, C.	58
Cebreros Verdín, A.M.	39
Centeno Cruz, F.	95

Índice de autores

Autor	Páginas
Cervantes-Ramos, C.J.	73
Chávez Reyes, A.	92
Conteras-Sanzón, E.	47
Cornejo Rivera, A.	55
Corona-Sánchez, A.B.	84
Cortes-Eslava, J.	27 70
Cortés Barberena, E.	22 34
Cruz Hernández, L.	49
Cruz-Jaime, S.	64
De la Cruz Larios, L	24 57 84
de la Fuente Sánchez, J.A.	49
Délano-Frier, J.P.	56
Del Rincón Castro, M.C.	18
Díaz-Barriga Arceo, S.	92 100
Díaz-Sandoval, P.	76
Domínguez Hernández, V.M.	49
Dueñas García, I.E.	81 82 86 98 99
Duifhuis-Rivera, T.	89 90 91
Durán-Díaz, A.	81 86
Escobedo G.	37
Escoto-Delgadillo, M.	84
Espinosa-Ahedo, B.	69
Espinosa-García, L.	69
Flores Gracia, J.	40 41 71
Flores Hernández, F.Y.,	9 61
Flores-García, Y.	66 67
Flores-Márquez, A.R.	27 58
Franco y Bourland, R.E.	49
Frías Vázquez, S.	33
Galicia-Alvarado, M.A.	93
Galindo-García, J.	89 90 91
Galindo-Hernández, A.F.	90
Gallardo Ortiz, I.A	96 99
Gallegos Arreola, M.P.	45 46 48 50 77
Gallegos-Saucedo, R.	78
Garay-Canales, C.A.	58
García Campillo, H.	49

Índice de autores

Autor	Páginas
García García, M.R.	61
García-García, J.D.	69
García Juárez, J.A.	74
García, M.R.,	9
García Martínez, V.	53
García-Salazar, G.	34
García Saucedo, P.A.	85
García-Sosa, B.A.	59
Garduño Solórzano, G.	51
Garrido, E.	95
Godínez, D.	100
Godínez-Rodríguez, M.Y.	45 46 48 50
Gómez-Aguirre, Y.A.	78
Gómez-Arroyo, S.	30 58 70
Gómez Clavel, J.F.	98
Gómez Leyva, J.F.	2 9 44 85
Gómez Lim, M.	23
Gómez Meda, B.C.	77
González García, J.R.	10 38
González-Gutiérrez, A.M.	34
González Santiago, A.E.	39
Gregorio-Jorge, J.	73
Guerrero-Alba, R.	78
Guerrero-Corona, A.	84
Gutiérrez-Carrillo, G.A.	98
Gutiérrez-Sevilla, J.E.	77
Heres y Pulido, M.E.	16 26 81 82 86 99
Hernandez, B.	24
Hernández Calderón, M.L.L.	92
Hernández-Cervantes, E.	83
Hernández Córdova, K.N.	72
Hernandez Vargas, R.	7 97
Hernández Zamora, E.	8 13 52 93
Horta Vega, J.V.	71
Hueletl-Soto, M.E.	83
Ibañez Palacios, J.	53
Izquierdo-Vega, J.A.	64
Jaimes Miranda, F.	54

Índice de autores

Autor	Páginas
Jave Suárez, L.F.	6 94
Jiménez Flores, J.R.	96 99
Jiménez García, L.F.	70
Jiménez Hernández, E.M	5
Juárez Curiel, E.	9
Juárez-Aviña, M.	44
Lara Echavarría, M.A.	57
Lara-Martínez, R.	70
Lemus-Flores, C.	89
Lépiz Ildfonso, R.	32
Lezama Sánchez, E.	63
Lima, G.	100
López-Camarillo, C.	47
López Muraira, I.G	44
López-Ramírez, M.E.	73
Loske Achaim, M.	23
Luna Méndez, M.	49
Macedo-Barragán, R. J.	90
Macías Martín, D.A.	61
Madrigal-Bujaidar, E	49 64 69
Madrigal-Santillán, E.	64
Magaña Escobar, G.A.	85
Magaña Torres, M.T	14 38
Márquez Becerra, C	17 20
Martínez-Cano, E	36
Martínez Canseco, C.	49
Martínez Coria, E.	49
Martínez Espinosa, N.S.	92
Martínez Flores, H.E.	85
Martínez-García, M.	43 51
Martínez Hernández, R.A.	71
Martínez-Lara, C.M.	35
Martínez-Ramírez, O.C.	35
Mastretta-Yanes, A.	24
Mateos Nava, R.A.	59 63 72 74 76 79
Medina Canales, M.G.	23
Mejenes López, R.N.	49
Mena-Munguía, S.	75

Índice de autores

Autor	Páginas
Méndez Cruz, A.R.	96
Méndez-García, L.A.	37
Mendez-Morán, L.	56
Meneses-Peñaloza, A.	52 93
Mérida-Cortés, P.A.	70
Meza Hernández J.S	53
Michel-Regalado, N.G.	91
Minjarez, B	75
Minor-Caballero, A.E.	68
Molina Álvarez, B	12 28
Molina González, M.G.	43
Monsalvo-Reyes, A.C.	51
Montes-Castillo, M.	74
Montiel-González, J.M.R.	67
Montoya-Baltazar, K.	81
Morales Acosta, L.	49
Morales-González, J.A.	64
Morales-Montor, J.	58
Morales-Osorio, M.G.	52 93
Nava-Castro, K.E.	58
Nexpanco Nava, Y.	74
Núñez Gaona, M.A.	49
Nuñez-Olvera, I.	47
Ocampo-Aguilera, N.A.	37
Olarte Carrillo, I.	95
Olivares-Terrones, R.A.	42
Orea-Padilla, R.M.	62
Ortiz-García, Y.M.	77
Ortiz-García, R.G.	77
Ortiz-Muñiz, A.R	34
Osawa-Martínez, E.	75
Palmeros-Suárez, P.A	44
Paniagua Pérez, R.	49
Pérez-Bojorquez, B238 P.J.	46 48
Pérez-Flores, G.	60
Pérez Gallaga, F.J.	49
Pérez-González, L.C.	65
Pérez Hernández, A.	80

Índice de autores

Autor	Páginas
Pérez Néstor O.	23
Pérez-Roldan, J.A.	83
Pérez Sánchez, R.E	85
Plancarte de la Torre, M.M.	56
Plata Franco, M.A.	92
Ponciano Gómez, J.A	95 96 99
Portillo Jacobo, J.A.	35
Portillo Martínez, P.	85
Portillo-Reyes, J.	64
Prado-García, H.	47
Quintana Armenta, A.	49
Ramírez Granillo, A.	23
Redón Tavera, A.†	52 93
Reyes de la Rosa, A.P.	80
Reyes Maldonado, E.	13 52 93
Reynaud-Garza, E.	97
Reynoso-Silva, M.	87 88
Rivera-Rodríguez, D.M.	24 84
Riveros-Magaña, A.R.	94
Robles Barrios, K.F.	23
Rodríguez Gutiérrez, P.G.	38
Rodríguez Guzmán, E.	1 55
Rodríguez Mercado, J.J.	59 63 72 74 76 79
Rodríguez-Pérez, J.E.	1
Rodríguez-Ruggerio, D.	67 68
Rodríguez-Sahagún, A.	42
Rodríguez-Tlatelpa, L.C.	65 83
Rodríguez-Torres, D.E.	46 48
Rodríguez-Yáñez, Y.	75
Romero-García, S.	47
Rosales-Cruz, E.	52 93
Rosales-Reynoso, M.A.	11 45 46 48 50
Rosiles Ortega, A.F	54
Rubio Ochoa, E.	85
Ruggerio-García, C.R.	60
Ruiz Corral, J.A.	24
Ruíz Rosano, L.	49
Ruiz, V.	47

Índice de autores

Autor	Páginas
Salazar Piña, D.A.	35
Salinas-Vera, Y.M.	47
Salvador-Muñoz, A.	66
Sánchez-Alarcón, J.	27 60 62 65 66 67 68 73 83
Sánchez-Chiprés, D,R,	89 91
Sánchez-Díaz, I.	97
Sánchez González, J.J.	24
Sánchez-Gutiérrez, M.	64
Sánchez Parada, M.G.	39
Sánchez Torres, D.R.	40
SantacruzRuvalcaba, F.	24 84
Santiago Santiago, M.	43
Santos Cruz, L.F.	81 82 86 99
Saucedo Campos, A.D.	96 99
Scotta Hentschke, G.	51
Segura-Castruita, M.A.	44
Sigrist Flores, S.C.	96 99
Silva Rodríguez, A.	98
Sobrevilla Navarro, A.A.	39
Solís Gómez, U.	38
Solleiro-Villavicencio, H.	37
Torres-Mendoza, B.M.	77
Torres Morán, M.I.	57
Torres Torres, J.C.	71
Tovar-Jacome, C.J.	45 50
Trujillo-Fernández,B84 Y.G.V.	45 46 48
Valderrábano-Franco, A.	81 86
Valdés Flores, M.	52
Valdez- Morales, E.E.	78
Valencia-Botín, A.J.	3
Valencia-Posadas, M.	90 91
Valencia-Quintana, R	27 60 62 65 66 67 68 70 73 83
Vargas-Sánchez, D.I.	97
Vasconcelos V.M	51
Vela Ojeda, J.	95
Velázquez-Ullo,a N.	82
Verduzco-Moreno, F.J.	56
Villalobos Molina, R.	96 99

Índice de autores

Autor	Páginas
Virgen-Méndez, A.	89
Wegier, A.	24
Xochitotol-Nava, G.	73
Yáñez-Pérez, M.	68
Yzabal-Barbedillo, C.	45 50
Zamora-Pérez, A.	77
Zañudo Hernández, J.	56
Zapata-García, J.A.	94
Zavala-Hernández, C.	52 93
Zepeda Olmos, P.M.	38
Zúñiga-González, G.M.	77

EL IMPACTO DEL MEJORAMIENTO GENÉTICO SOBRE LA PRODUCCIÓN DE ALIMENTOS

Rodríguez-Pérez, J.E.¹, Rodríguez-Guzmán, E.²

¹Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, Edo. de México. CP. 56230. erodriguezx@yahoo.com.mx

²Departamento de Producción Agrícola. Universidad de Guadalajara. Zapopan, Jalisco CP 45053

El desarrollo de los cultivos ha ocurrido desde hace más de 12,000 años con el manejo y selección de plantas silvestres. Se puede considerar que el mejoramiento genético (MG) de cultivos, realizado con apoyo científico, inició en 1900 con la difusión de las leyes de Mendel. Resultado sobresaliente de esta actividad fue la "Revolución Verde" gracias a la combinación de variedades mejoradas de bajo porte, capaces de soportar altas densidades de siembra, altas dosis de fertilizantes y tolerantes a enfermedades, lo que, junto con la tecnología disponible, representó un logro importante en la producción de alimentos. El MG se enfrenta a la obtención de variedades que requieren arquetipos agronómicos, tolerantes a factores adversos bióticos (plagas, enfermedades) y abióticos (sales, sequía, temperaturas extremas, etc.), con calidad nutraceútica y postcosecha que garantice su comercialización, con la capacidad de desarrollarse ante tecnologías y sistemas de producción variados. Ante el incremento de la población mundial, que ascenderá en el año 2055 a 10 mil millones de habitantes, y ante una frontera agrícola agotada y el cambio climático, obliga a la generación de variedades cada vez más productivas. Dentro de las herramientas con que cuenta el MG se encuentra la biotecnología que ha tenido avances importantes y ya es indispensable para incrementar las ganancias genéticas. También se han desarrollado métodos precisos de evaluación fenotípica y selección en campo, facilitando la evaluación de la interacción genotipo ambiente y la estabilidad varietal ante condiciones cambiantes y la asociación de estas respuestas al genoma de la especie. Hasta ahora el incremento continuo, aunque cada vez menos eficiente, en la producción de los principales cultivos, ha garantizado la disponibilidad de alimentos. Sin embargo, existen informes donde se estima que la pérdida de la producción de rendimientos asciende a casi 50 %, lo que ocurre durante la misma producción, en el almacenamiento, procesamiento, distribución y consumo. Estos retos implican el diseño urgente de estrategias holísticas, sustentables y eficientes que aprovechen al máximo las tecnologías disponibles con el fin de resolver los problemas de la producción, en donde el mejoramiento genético de los cultivos es una pieza fundamental para asegurar la sustentabilidad y la producción suficiente de alimentos.

CONTRIBUCIÓN DE LA GENÉTICA MOLECULAR EN LA PRODUCCIÓN DE ALIMENTOS

Gómez Leyva, J.F.

Instituto Tecnológico de Tlajomulco, Jalisco, México
juan.gl@tlajomulco.tecnm.mx

Los retos actuales de la agricultura pasan por erradicar el hambre y la malnutrición y asegurar alimentos suficientes para dar respuesta a la demanda de las generaciones presentes y futuras. Por otra parte, el crecimiento económico debe incluir la dimensión de la nutrición incidiendo en la diversificación de la dieta y en la adecuada ingesta de nutrientes dentro de sistemas de producción y consumo sostenibles. Adicional a estos factores, el cambio climático presenta un escenario cambiante de plagas, sequías, radiación solar y cambios de temperatura lo que modifica drásticamente las condiciones del suelo. Ante estos nuevos retos es necesario redoblar los esfuerzos de mejoramiento genético convencional se han enfocado a la hibridación, selección genealógica y selección por cruces y retrocruces interespecíficos, con el fin de transferir factores de resistencia a patógenos y plagas, mejorar la adaptación y el rendimiento del cultivo. Además, en el mejoramiento genético convencional, se ha utilizado la introducción y selección de plantas, cruces artificiales con parentales seleccionados y ensayos de mutagénesis y radiación en semillas con rayos gama de Co^{60} . Los cultivos agrícolas, son el resultado de un largo proceso de domesticación de especies silvestres realizado por los seres humanos. En la actualidad la tecnología de edición de genes proporciona una nueva aproximación para la mejora de los cultivos a la vez que ofrece un interesante espectro de posibilidades en la obtención de variedades con características nuevas y más saludables. La tecnología se apoya en dos pilares fundamentales: por un lado, el conocimiento de la secuencia de genomas completos y, por otro, la identificación de la función de los genes. Es con estos pilares que la biotecnología moderna apoya el desarrollo de nuevas herramientas que ayuden a entender las modificaciones genética y su relación con su entorno en la era de las "ómicas" que den como resultado una relación sostenible para satisfacer la creciente demanda mundial de alimentos.

THE BRIEF HISTORY AND CONTRIBUTION OF AGROCHEMICALS TO CROP PRODUCTIVITY

Valencia-Botín, A.J.

Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de la Ciénega, Sede La Barca. Km. 6, Carretera La Barca-Ocotlán, La Barca Jalisco.
julian.valencia@academicos.udg.mx

Pesticides refer to organic and inorganic synthetic molecules, biorational, biological, or microbiological agents, or derived from them for the management of pests, diseases, weeds, and nutrition whose goal is to sustain or improve agronomic yield. Compounds of high carcinogenicity have paraded in the world of food production such as the herbicide compound 2,4-D (chlorophenoxy). The reason for the Nobel Prize was the description of the properties of DDT as global insecticide, an organochlorine that was introduced in 1942, banned in 1972 in the USA and in Mexico until 1999. Its high stability and magnification caused worse conditions in humans. There are too many stories for and against the use of agrochemicals in the scientific literature. Notwithstanding the effects on the contamination of soil, groundwater, lakes, seas, and oceans; dependence on their use is increasing. Dr. Michael Herrmann, specialist of the United Nations, stated that the world population potentially to be fed by the end of 2022 would be about eight billion. The foregoing leads us to ask ourselves: How could we feed an increasing population without the intensive use of agrochemicals? Could we diminish its use in agriculture? For instance, in wheat, if it were possible to reduce |at least 50% of the agrochemicals, the yield losses would be of the order of 5 to 13% compared to traditional intensive methods. To date, insects and diseases can diminish serious yield as shown in Table 1. It has been shown that agrochemicals will continue to be used in agriculture despite scientific documentation of adverse effects but if they were correctly applied, so we can manage several biotic factors that affect productivity.

TABLE 1. RELEVANCE OF THE USE OF AGROCHEMICALS AND POTENTIAL LOSSES IN THE AGRONOMIC YIELD PER CROP

Crop	Losses (%)
Corn	20 - 41
Bean	37 - 100
Wheat	10 - 28
Tomato	15 - 95
Rice	25 - 41
Potato	8 - 21
Soybean	11 - 32

ANÁLISIS DE EXPRESIÓN GLOBAL DE LINFOBLASTOS PRE-B CD10+ / CD19+ EN NIÑOS MEXICANOS CON LAL-B Y COMPARACIÓN CON PACIENTES HISPANOS DE LA BASE *TARGET*

Castañeda Partida, M.J.L.

Laboratorio de Genética Toxicológica, FES Iztacala, UNAM
quirros@gmail.com

La Leucemia Aguda Linfoblástica (LAL) es el cáncer infantil más frecuente. La Ciudad de México tiene una de las incidencias más altas de LAL-B en el mundo con pacientes que muestran una baja respuesta a la terapia convencional, baja tasa de sobrevivencia y altas tasas de recaída. Para estudiar más las características moleculares de la LAL-B en niños mexicanos, se implementó un protocolo por FACS (Fluorescence Activated Cell Sorting) para aislar linfoblastos precursores B (pre-B) CD10+/CD19+ de muestras de sangre periférica (SP) y aspirados de médula ósea (MO) de pacientes diagnosticados con LAL-B. Se llevó a cabo un perfil de expresión génica global que reveló 136 genes diferencialmente expresados (GDEs): 62 sobreexpresados (45.6%) y 74 subexpresados (54.4%). Se seleccionaron 26 de los principales GDEs y se validaron 21 por RT-qPCR. Los resultados del GSEA (Gene Set Enrichment Analysis) e IPA (Ingenuity Pathway Analysis) mostraron que el ciclo celular estaba alterado en MO, con una firma de cuatro genes sobreexpresados, junto con la baja expresión de dos genes que activan importantes vías de señalización para la diferenciación de células B. El análisis bioinformático comparativo de aspirados de MO y muestras de SP de pacientes Hispánicos diagnosticados con LAL-B colectados por el Programa *TARGET* (Therapeutically Applicable Research to Generate Effective Treatments), corroboró los genes observados, excepto por uno de los genes subexpresados. El análisis ARACNE (Algorithm for the Reconstruction of Accurate Cellular Networks) infirió una red que comprendía *SMIM10LB2*, un lncRNA no reportado en LAL pre-B. En conclusión, los pacientes mexicanos estudiados presentaron alteraciones precursoras en común con los pacientes Hispánicos de la base *TARGET* pero mutaciones histotipo-específicas que podrían facilitar la estratificación de riesgo y un diagnóstico más preciso. Por otro lado, las proteínas de la maquinaria mitótica y de la diferenciación de células B revelados por este estudio podrían servir como blancos terapéuticos potenciales en LAL pre-B.

ESTRATEGIAS DIDÁCTICAS PARA EL PROCESO DE ENSEÑANZA- APRENDIZAJE DE LA GENÉTICA

Jiménez Hernández, E.M.

Instituto Tecnológico de Tlajomulco, Jalisco, México
erendirajh@tlajomulco.tecnm.mx

Las nuevas tecnologías están modificando la educación tal y como la conocemos, nos encontramos en una nueva era educativa donde convivimos nativos e inmigrantes digitales. Por lo que, es necesario atender a la configuración de nuevos escenarios de aprendizaje, ante la emergencia de estos ambientes o ecologías de enseñanza-aprendizaje, a través de la construcción de un sistema instruccional efectivo, en el que el aprendizaje activo y orientado a la solución de problemas con un tratamiento lúdico y práctico, permitan el aprendizaje de contenidos y habilidades propias del campo profesional de la Genética. En esta conferencia se abordarán algunas estrategias didácticas y herramientas tecnológicas que permitan crear entornos de aprendizaje constructivistas altamente motivacionales situados en el perfil de los educandos, sus capacidades e intereses. De este modo, se presentarán algunos referentes teóricos y psicopedagógicos del diseño didáctico que pretenden potenciar el uso de las tecnologías como artefactos culturales mediadores del aprendizaje centrados en la educación del aprendiz, por encima de la transmisión de información o reglas de procedimiento.

ASPECTOS GENÓMICOS Y TRANSCRIPTÓMICOS DEL CÁNCER DE MAMA: BÚSQUEDA DE MARCADORES DIAGNÓSTICOS Y PRONÓSTICOS

Jave Suárez, L.F.

División de Inmunología, CIBO, IMSS; Departamento de Fisiología,
Universidad de Guadalajara
lfjave@gmail.com

El cáncer de mama es la primera causa de muerte por neoplasia en la mujer en el ámbito mundial. En México ocupa el primer lugar de incidencia de cáncer en la mujer y se sitúa como primer lugar como causa de mortalidad por tumor maligno. La estrategia principal para la detección del cáncer de mama se basa en el escrutinio mediante mamografía, sin embargo, a pesar de los resultados favorables de la aplicación de la mamografía, existen ciertos cuestionamientos sobre su aplicación en mujeres jóvenes, además de que la sensibilidad y el valor predictivo de esta prueba son afectados por diversos factores. Lo anterior resalta la necesidad de contar con herramientas diagnósticas y también pronósticas para la detección temprana y tratamiento de esta patología. En esta ponencia se discuten algunos aspectos genómicos del cáncer de mama y se expone la experiencia de nuestro grupo de trabajo en la búsqueda de marcadores diagnósticos para esta enfermedad, lo anterior abarca metodologías que van desde la aplicación de modelos celulares, físicos y proteómicos, incluyendo la tecnología de la secuenciación de nueva generación, se presentan los resultados obtenidos en los últimos años y las perspectivas de investigación en esta área.

***Drosophila* COMO MODELO DE NEURODEGENERACIÓN**

Hernandez Vargas, R.

IBT, UNAM
rene.hernandez@ibt.unam.mx

Dentro de las enfermedades neurodegenerativas que se han estudiado en *Drosophila*, se encuentra la enfermedad de Parkinson (EP) que es una patología caracterizada por la pérdida de neuronas dopaminérgicas de la sustancia *negra pars compacta* reduciendo la dopamina disponible en el cuerpo estriado induciendo síntomas característicos como inestabilidad postural, pérdida de motilidad, bradicinesia, pérdida del olfato y trastornos del sueño. Los síntomas no motores, que incluyen pérdida del olfato, alteraciones de la visión, depresión y trastornos del sueño, tienden a aparecer años o incluso décadas antes que los síntomas motores. Varios de estos síntomas los hemos estudiado en el modelo *Drosophila melanogaster*, a partir de moscas transgénicas que expresan a sinucleína y/o Sinfilina, dos proteínas que se encuentran formando agregados insolubles en los cuerpos de Lewy, característicos de la EP o con disminución de transcritos del proteasoma por RNAi´s bajo un sistema de control de expresión UAS-Gal4, generando fenotipos de neurodegeneración medibles como la actividad motriz, respuestas foto-receptoras, longevidad, muerte de neuronas dopaminérgicas, perdida estructural del ojo, así como la respuesta supresora de nicotina sobre estos fenotipos. Dentro de este contexto hemos trabajado en el diseño *in silico* de generación de mutantes de *D. melanogaster* por medio de Crispr/Cas9 y/o CRISPaint para proteínas integrales del proteasoma como Rpt5, que están directamente relacionadas con la EP y otros genes importantes para la investigación del grupo del Dr. E. Reynaud que serán evaluadas experimentalmente en el futuro cercano.

ENFERMEDADES RARAS. UN PANORAMA GENERAL EN MÉXICO

Hernández Zamora, E.

Instituto Nacional de Rehabilitación "Luis Guillermo Ibarra Ibarra"
edgarhz1969@yahoo.com.mx

Las enfermedades raras (ER) son aquellas con baja incidencia y en ocasiones de etiología desconocida, por lo que son poco comunes. Sin embargo, hay gran cantidad de personas afectadas por este tipo de padecimientos en el mundo. La Organización Mundial de la Salud (OMS) estima que existen unas 7000 ER que afectan al 7% de la población. Las ER, enfermedades poco comunes, enfermedades minoritarias o enfermedades poco frecuentes. Incluye un conjunto de enfermedades que tienen ciertas características tales como: Aparecen con baja frecuencia, menos de 5 casos por 10,000 habitantes; presentan muchas dificultades diagnósticas y de seguimiento; tienen un origen desconocido en la mayoría de los casos; falta de información y de conocimiento científico acerca de su origen y evolución; conllevan múltiples problemas de salud, sociales, psicológicos, educativos y laborales; existen pocos datos epidemiológicos; plantean dificultades en la investigación debido a los pocos casos y carecen en su mayoría de tratamientos efectivos. En México, la Comisión para el análisis, evaluación, registro y seguimiento de las enfermedades raras ha incluido 20 enfermedades raras y 2 que se encuentran en trámite. Por ellos la importancia de dar a conocer estas enfermedades y difundirlas, para que haya un mejor trato a los pacientes con estas enfermedades.

EFFECTO CITOTÓXICO Y ANTIPROLIFERATIVO DE ANTOCIANINAS DE JAMAICA (*Hibiscus sabdariffa*)

Juárez Curiel, E., Berraondo López, P., Flores Hernández, F.Y., García, M.R.,
Gómez Leyva, J.F.

TecNM-Instituto Tecnológico de Tlajomulco
efrenn.ejc@gmail.com

La búsqueda de compuestos naturales con actividad citotóxica y antitumoral es una de las prioridades actuales de la lucha contra el cáncer; motivo por el cual el objetivo del presente trabajo fue evaluar la actividad citotóxica de los extractos etanólicos liofilizados (EL) de Hibiscus (Jamaica) y antocianinas aisladas del mismo extracto sobre las líneas celulares CT-26 (carcinoma de colon de ratón) y MCA-205 (fibrosarcoma de ratón). Se demostró que la concentración a la cual se presenta un efecto citotóxico contra estas líneas celulares fueron 3.2mg/mL del EM y 1mg/mL del aislado de antocianinas comprobado con ensayos de adhesión celular xCELLigence RTCA system, viabilidad celular por tinción de azul de tripano y ensayo de incorporación de timidina tritiada. Se concluye que el efecto citotóxico y antiproliferativo visto en ambas líneas celulares es mayor con el liofilizado de antocianinas que el observado en el extracto completo de Hibiscus sabdariffa.

ESTUDIO CITOGENÉTICO DE LA LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA EN NIÑOS ATENDIDOS EN EL HOSPITAL DE PEDIATRÍA DEL CENTRO MÉDICO NACIONAL DE OCCIDENTE-IMSS

González García, J.R.

Genética. Centro de Investigación Biomédica de Occidente. IMSS. Guadalajara, Jalisco.
jrgg_gene@hotmail.com

La leucemia linfoblástica aguda (LLA) es la neoplasia más frecuente en edades pediátricas. En México, la incidencia de la LLA y la tasa de mortalidad son de las más altas a nivel mundial. En otros países, para establecer el diagnóstico inicial de la enfermedad, así como la clasificación del riesgo, se consideran las características citogenéticas de las células leucémicas, lo que permite, en algunos casos, diseñar los esquemas de quimioterapia y maximizar la respuesta terapéutica de cada paciente. En cambio, en nuestro país, la mayoría de los pacientes con LLA no cuentan con estudios citogenéticos. Así, se está realizando un estudio citogenético de los niños con LLA atendidos en la UMAE Hospital de Pediatría CMNO-IMSS por cariotipo y por hibridación *in situ* fluorescente (FISH) dirigido a detectar las anomalías descritas con mayor frecuencia en otras poblaciones, como las fusiones *ETV6::RUNX1*, *TCF3/PBX1*, *BCR::ABL1*, arreglos del gen *KMT2A*, arreglos del gen *IGH*, deleciones de los genes supresores de tumor *TP53*, *RB1*, *CDKN2A/B* y *ATM*, y aneuploidía para los cromosomas X, 6; 10, 14, 17, 18 y 21. Hasta este momento se han incluido 83 pacientes pediátricos con diagnóstico de LLA. El promedio de edad de los pacientes es de 6.9 años (± 4.7), 50.6% son de sexo femenino y 49.4% son del sexo masculino. Hemos detectado mediante FISH las siguientes frecuencias de alteraciones: fusión *ETV6::RUNX1* en 7/83 pacientes, fusión *TCF3::PBX1* en 3/83, fusión *BCR::ABL1* en 3/83, arreglos del gen *IGH* en 8/83, arreglos del gen *KMT2A* en 4/83, deleción de *TP53* en 4/83, deleción de *RB1* en 6/83, deleción de *CDKN2A/B* en 16/83, deleción de *ATM* en 4/83 e hiperdiploidía en 16/83. La ganancia del cromosoma 21 es la más frecuente. Algunas de estas frecuencias difieren significativamente con las observadas en otras poblaciones, lo que pudiera tener relación con la alta tasa de mortalidad que se reporta en nuestra población mexicana.

UTILIDAD DE LAS BIOPSIAS LÍQUIDAS (ADN CIRCULANTE LIBRE Y MICRORNAS) EN EL DIAGNÓSTICO Y/O PRONÓSTICO DE PACIENTES CON CÁNCER COLORRECTAL

Rosales-Reynoso, M.A.

Laboratorio de Oncología Molecular, División de Medicina Molecular,
Centro de Investigación Biomédica de Occidente (CIBO),
Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS).
mareynoso77@yahoo.com.mx

El cáncer colorrectal (CCR) es la neoplasia maligna más frecuente del colon y del recto. A nivel mundial es la tercera causa de cáncer y la segunda en mortalidad. Los marcadores tumorales de diagnóstico y pronóstico más utilizados no son exclusivos para el CCR, debido a lo anterior es necesaria la búsqueda de nuevos biomarcadores de diagnóstico, pronóstico y respuesta a tratamiento que sean específicos para esta enfermedad. El estudio del ADN circulante libre y de los microRNAs (miRNAs) presentes en sangre periférica pueden ofrecer algunas soluciones en el diagnóstico y seguimiento de pacientes con CCR. Los resultados derivados de los proyectos muestran la utilidad de la concentración del ADN circulante libre y del nivel de expresión de 8 microRNAs analizados en pacientes con cáncer colorrectal esporádico como biomarcadores de diagnóstico y/o pronóstico.

SÍNDROMES DE INESTABILIDAD CROMOSÓMICA

Molina Álvarez, B.

Citogenética. Instituto Nacional de Pediatría; Facultad de Ciencias, UNAM,
Maestría en Ciencias Médicas, Facultad de Medicina, UNAM
bertha_molina@yahoo.com.mx

Los síndromes de inestabilidad cromosómica (SIC) son un grupo de enfermedades genéticamente heterogéneas, con diversos fenotipos clínicos y una forma de herencia predominantemente autosómica recesiva. La mayoría de estos SIC, se presentan en una frecuencia muy baja y clínicamente presentan falla medular, grados variables de inmunodeficiencias, enfermedades infecciosas, talla baja, microcefalia, alteraciones pigmentarias en piel, anomalías faciales y un riesgo incrementado para desarrollar neoplasias. A nivel celular, todos los SIC tienen en común deficiencias en la reparación del DNA, y en la respuesta al daño, generan inestabilidad cromosómica, y diversas consecuencias fenotípicas que, de manera muy importante, incluyen una tendencia a desarrollar diversos tipos de cáncer. Existen más de diez SIC, pero los más representativos son Anemia de Fanconi, Xeroderma pigmentosa, Ataxia telangiectasia, Bloom y Nijmegen. Las células de los pacientes con estas enfermedades son incapaces de reparar el daño inducido al DNA por algún agente externo y en la gran mayoría de ellas, se observa un aumento en la frecuencia de aberraciones cromosómicas espontáneas y una hipersensibilidad a agentes inductores de daño específicos. Esta respuesta celular se debe a que los pacientes presentan una variante patogénica en algunos de los genes de reparación que producen proteínas o enzimas defectuosas, son incapaces de reparar las lesiones en el DNA o de señalar dicho daño y además son causante del cuadro clínico del SIC. Se presentará el estudio de los SIC a nivel clínico, citogenético y molecular.

POLIMORFISMOS DE GENES ASOCIADOS A ESTADOS PROINFLAMATORIOS E HIPERCOAGULABLES EN PACIENTES CON ENFERMEDAD DE LEGG-CALVÉ-PERTHES

Rodríguez Olivas, A.O.^{1,2}, Reyes Maldonado, E.², Casas Ávila, L.¹,
Hernández Zamora, E.¹

¹Medicina Genómica, Instituto Nacional de Rehabilitación, SS. ² Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN. Ciudad de México
orox3@hotmail.com

Las enfermedades raras o también llamadas poco frecuentes son un conjunto de patologías con ciertas características comunes como son una prevalencia baja y/o etiología desconocida. Una enfermedad clasificada como rara ya que cuenta con estas dos características, es la enfermedad de Legg-Calve-Perthes (ELCP), en esta enfermedad se cursa con una necrosis avascular uni o bilateral de la cabeza femoral, afectado el rango de movimiento de la cadera. La prevalencia de ELCP es muy variable entre razas y región geográfica, dicha prevalencia oscila entre 0.4/100,000 y 29.0/100,000 niños menores de 15 años, presentándose un alza en la incidencia en niños de 4 a 8 años. Es más frecuente en varones con una relación 5:1 frente a las niñas. Aunque la ELCP fue descrita a principios del siglo pasado y ha sido estudiada por más de 100 años, poco se sabe de su etiología, se han propuesto como causas de la ELCP, la susceptibilidad por diversos factores ambientales, metabólicos o genéticos. Existe la posibilidad de que algunos polimorfismos tanto en el sistema de citocinas proinflamatorias y/o del sistema hemostático, sean los factores desencadenantes de la ELCP, por lo cual se optó por analizar en pacientes y controles los polimorfismos FVL (rs6025), FVIII (rs5987061), FIX (rs604) y PAI-1 (rs1799889) de igual manera serán estudiados los polimorfismos TNF- α (rs361525, rs1800629), IL23R (rs1569922, rs4655686, rs7539625) y eNOS (rs1799983, rs2070744), mismos que han sido reportados por predisponer a un estado protrombótico y proinflamatorio respectivamente. El objetivo de este estudio es elucidar si están presentes alteraciones en el sistema hemostático o proinflamatorio que podrían fungir como factores etiológicos y desencadenantes de la ELCP.

CARACTERIZACIÓN CLÍNICA Y MOLECULAR DE PACIENTES CON HIPERCOLESTEROLEMIA FAMILIAR HOMOCIGOTA.

Magaña Torres, M.T.

Laboratorio de Genética. División de Genética. Centro de Investigación Biomédica de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Guadalajara, Jalisco, México.
maganamt@gmail.com

La hipercolesterolemia familiar (HF) se caracteriza porque los pacientes presentan niveles elevados de colesterol LDL (c-LDL), lo cual incrementa el riesgo de aterosclerosis y enfermedad cardiovascular (ECV) prematura. Presenta herencia autosómico dominante por lo que se definen dos fenotipos clínicos: 1) Pacientes heterocigotos (HeHF), presentan fenotipo grave, con c-LDL ~170-400mg/dl y su frecuencia es 1:250. 2) Pacientes homocigotos (HoHF), tienen un fenotipo muy grave, con cLDL >400mg/dL y su frecuencia es 1:300,000-1:1,000,000. La HF es causada principalmente por variantes en los genes *LDLR* y *APOB*. La HoHF se encuentra dentro de las enfermedades raras, por su baja frecuencia; sin embargo, en algunas comunidades del estado de Oaxaca se han detectado un número importante de pacientes. A nuestro conocimiento hay reportados 18 casos HoHF, todos presentan xantomas y niveles de c-LDL >400mg/dL; el 61.1% (11/18) provienen de la sierra de Oaxaca. En el análisis molecular se han detectado al menos seis diferentes variantes patogénicas: c.-139delCTCCCCTGC, p.Glu140Lys, p.Asp360His, p.Asn405Lys, p.Ala755Glyfs*7 y Leu759Serfs*6, siendo esta última la más frecuente.

ALTERACIONES GÉNICAS Y CROMOSÓMICAS IDENTIFICADAS EN LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA

Aguilar Lemarroy, A.

División de Inmunología del Centro de Investigación Biomédica de Occidente – IMSS
adry.aguilar.lemarroy@gmail.com

Las leucemias agudas son el resultado de una proliferación anormal de células monoclonales inmaduras del sistema hematopoyético que invaden la médula ósea y otros tejidos linfoides. En México, la tasa de mortalidad en individuos pediátricos está calculada en 2.1 por cada 100,000 habitantes, mientras que en adultos alcanza una tasa de 5.5, por lo que esta enfermedad sigue siendo un grave problema de salud pública. En nuestro grupo de trabajo, mediante microarreglos de expresión e hibridación genómica comparativa, así como RNAseq, hemos identificado diversas alteraciones génicas, así como ganancias y pérdidas cromosómicas muy frecuentes, algunas de ellas aún no reportadas en la literatura científica. Estos hallazgos son relevantes, ya que la expresión de algunos de estos genes podría ser de utilidad en la clínica.

LA TRASCENDENCIA DE ALFONSO L DE GARAY EN LA FORMACIÓN DE LA GENÉTICA EN MÉXICO

Heres y Pulido, M.E.I.

Laboratorio de Genética Toxicológica, Biología, FES Iztacala, UNAM, Los Barrios N°1, Los Reyes Iztacala, C.P. 54090, Tlalnepantla, Estado de México, México.
eugeniaheres@hotmail.com

En la ONU, en 1953, D.D. Eisenhower propuso la formación de la Agencia Internacional de Energía Atómica (AIEA) cuya mayor responsabilidad sería usar el material fisionable al servicio de las actividades pacíficas de la humanidad. En México, en 1956, se funda la Comisión Nacional de Energía Nuclear (CNEN) y por lo anterior, en 1960 ésta inaugura el Programa de Genética y Radiobiología, dirigido por el Dr. Alfonso L. de Garay quien estudió genética humana con L.S Penrose, en Londres, genética de poblaciones con Haldane y Fisher y conoció al evolucionista John M. Smith (Barahona, 2006, 2014). De Garay impulsó el estudio del efecto de las radiaciones en microorganismos, invertebrados acuáticos, *Drosophila melanogaster*, plantas, y bioquímica. La citogenética humana se ofreció como trabajo social y fuente de investigación y, se investigó la genética de poblaciones indígenas, los dermatoglifos y su biometría. Su relación con científicos, como el Dr. Sandoval Vallarta, el Dr. Dobzhansky, el Dr. Levine, y el apoyo de la AIEA y de la CNEN, permitió que estudiantes y colaboradores fueran becados, se especializaran o graduaran en el área, y regresaran a México a transmitir sus saberes. En 1966, junto con numerosos colaboradores fundó la Sociedad Mexicana de Genética AC (SMGAC), cuyos objetivos principales son llevar a las instituciones educativas del país los resultados de las actividades en el campo de la genética, que los colegas realizan en el ámbito nacional. La trascendencia del interés del Dr. de Garay, por la ciencia y por generar para nuestro país científicos en el área de la genética y el efecto mutagénico de las radiaciones, estriba en que en el laboratorio fundado en 1960 por él y seis colaboradores iniciales, se formaron investigadores que en un efecto dominó, fundaron más de 30 laboratorios vigentes de investigación en genética de diversas especies biológicas, incluyendo a la humana, así como de los efectos de las radiaciones o contaminantes en la biosfera. Tuve la fortuna de ser colaboradora del Dr. De Garay y coincido con Ana Barahona en que institucionalizó la investigación en genética y fue vital en la formación de científicos para nuestro país.

LA GENÉTICA COMO PILAR DE LA TEORÍA EVOLUTIVA.

Márquez Becerra, C.

Facultad de Ciencias, UABC, Ensenada, B.C., México C.P. 22820
cmarquez@uabc.edu.mx

La teoría evolutiva incluye diversos postulados, entre ellos: el mundo y las especies evolucionan constantemente; las especies semejantes tienen un ancestro común; el cambio es gradual y continuo, y es consecuencia del proceso de la selección natural que actúa de manera diferenciada sobre las variaciones de los organismos. En el libro "El origen de las especies" de Darwin (1859), están incluidos los capítulos 1, 2 y 5, que abordan el tema de la variación, donde desarrolla numerosos argumentos sin conocimientos genéticos; lo cual se explica porque existen diversos factores que contribuyen a determinar las diferencias entre los individuos, tales como: ambientales, del desarrollo y genéticos. Para Darwin era central comprender y explicar las variaciones, ya que sobre éstas actúa la selección natural, que es central en la teoría evolutiva. El redescubrimiento del trabajo de Mendel ofrece el campo novedoso de la Genética, en los aspectos experimental y teórico. Un experimentador es Morgan, que publicó en 1910, el descubrimiento de la mutación espontánea de los ojos blancos de las moscas. De esta forma se explica cómo se origina la variación con un fundamento genético. Posteriormente, Müller publicó en 1927, las mutaciones inducidas por rayos X en las moscas. Con ello se evidencia que las variaciones genéticas en las poblaciones pueden ser causadas por agentes específicos. El desarrollo de técnicas nuevas en la Genética, tales como las citogenéticas y moleculares, hicieron posible el descubrimiento de una enorme cantidad de variaciones en los niveles de los cromosomas, proteínas y DNA. Donde destacan los polimorfismos cromosómicos tipo inversiones en las especies de *Drosophila*; en la década de 1960 la electroforesis de proteínas revela los polimorfismos en moscas, ratones y humanos, entre otras especies. A partir de la década de 1980 inicia la aplicación de las técnicas de secuenciación de DNA para estudiar las variaciones en el nivel de los nucleótidos. De esta manera cada método contribuye a profundizar y esclarecer en diversos niveles las interrogantes de Darwin acerca del origen de las variaciones. Además, los métodos citogenéticos y moleculares han contribuido a resolver preguntas centrales de la teoría evolutiva, relativas al origen y diversificación de las especies, a los mecanismos de aislamiento reproductivo que separan las especies y a explicar el fenómeno de la hibridación. Así mismo, han facilitado la elaboración de filogenias cromosómicas y moleculares de las distintas formas de vida. Los métodos de Genética molecular, sumados a los bioinformáticos han revelado como ocurre la evolución de los cromosomas y genomas. Y de igual modo, han fortalecido a la teoría evolutiva con teoremas y modelos matemáticos. En suma, se puede afirmar que, sin la Genética, la teoría evolutiva no hubiera alcanzado el nivel consolidado que tiene en el presente.

EL ÉXITO BIOTECNOLÓGICO DE LO BACULOVIRUS COMO AGENTES DE CONTROL BIOLÓGICO DE PLAGAS Y SU IMPORTANCIA COMO VECTORES DE EXPRESIÓN DE GENES EUCARIÓTICOS

Del Rincón Castro, M.C.

Departamento de Alimentos, División de Ciencias de la Vida
Campus Irapuato-Salamanca

En términos generales los virus son unidades submicroscópicas, intracelulares y patogénicas, que necesitan de un organismo vivo para poder reproducirse, y en el caso de los virus de insectos, el inóculo necesita ser ingerido para que se desarrolle la infección. Los principales grupos de virus de invertebrados tienen la particularidad de que sus viriones están ocluidos en una matriz de proteína, denominada cuerpo de oclusión (CO). Los baculovirus se utilizan como agentes de control biológico de plagas ya que son capaces de causar epizootias naturales en poblaciones del insecto hospedero y después de éstas pueden persistir en el suelo por largos períodos de tiempo, son altamente específicos, restringiéndose a infectar solamente artrópodos y casi en su mayoría a insectos, no causan problemas residuales en el sistema donde se aplican, por lo cual no ocasionan problemas de contaminación, ni causan efectos dañinos en insectos que no son el blanco original. Hasta la fecha, miles de baculovirus recombinantes, se han producido en este sistema de expresión, generando 8544 artículos científicos y más de 2300 patentes, dentro de los cuales algunos han terminado en aplicaciones comerciales, como varias vacunas humanas y vacunas terapéuticas, tales como la HA de la Influenza, partículas like-virus del Zaire Ébola virus (ZEBOV), Provenge (sipuleucel-T) (inmunoterapia contra el cáncer de próstata), así como de uso veterinario (glicoproteína E2 en cerdos, vacuna contra el circovirus porcino), y están actualmente en el mercado. Más recientemente se ha registrado el primer tratamiento de terapia génica basado en baculovirus, mediante la administración y expresión de genes heterólogos en células de mamíferos, y podrían utilizarse en el futuro con propósitos de terapia génica y tratamiento del cáncer.

ESTUDIO CLÍNICO, CITOGÉNÉTICO Y MOLECULAR EN EQUINOS CON FALLA REPRODUCTIVA

Ayala Valdovinos, M.Á.

Departamento de Producción Animal, División de Ciencias Veterinarias, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, Guadalajara, Jalisco, México.

manayala@cucba.udg.mx

Una de las aplicaciones más importantes del análisis citogenético en Medicina Veterinaria y de manera inherente en producción animal, lo constituye el diagnóstico de fallas reproductivas tanto del macho como de la hembra pía de cría. Estudios realizados en las diferentes especies domésticas y en el hombre, han demostrado la correlación de ciertas aberraciones cromosómicas con procesos patológicos del desarrollo, así como de la reproducción. La asociación de mutaciones cromosómicas o génicas con disturbios del desarrollo como mortalidad embrionaria, abortos, malformaciones, desarrollo sexual anormal, fertilidad reducida y esterilidad, ha venido siendo documentada en las especies domésticas. Sin embargo, en algunos países, por diferentes motivos, la aplicación del análisis citogenético y molecular en la producción equina ha sido muy pobre, aunque algunas investigaciones han señalado su importancia en el auxilio veterinario para el diagnóstico y eliminación temprana de animales portadores de enfermedades hereditarias. Una de las características de los sistemas de producción animal en México, sin ser la excepción la industria equina, son los altos niveles de importación de germoplasma, ya sea este como semen, sementales, o como vientres, los cuales se consideran de alto valor genético, sin embargo, pocos o nulos controles de calidad reproductiva les son aplicados localmente, así pues, tanto el desarrollo como la aplicación de estudios citogenéticos (cromosómicos) y moleculares (DNA) en las explotaciones pecuarias, son imprescindibles como herramienta en los programas de mejoramiento genético, ya que son parte integral del diagnóstico de padecimientos que tienen efectos adversos en la fertilidad de los animales domésticos. El uso del análisis citogenético y molecular, ha demostrado la gran importancia de su aplicación en complemento con el examen clínico, para establecer un diagnóstico preciso y oportuno de padecimientos que tienen efectos adversos en la fertilidad de los equinos.

MENDEL: EL ORIGEN DE LA GENÉTICA Y SUS POSTULADOS BÁSICOS

Márquez Becerra, C.

Facultad de Ciencias, UABC, Ensenada, B.C., México C.P. 22820
cmarquez@uabc.edu.mx

Antes de Johann Gregor Mendel y la presentación de su obra "Experiments in plant hybridization" (1865), existieron diversos experimentadores que trabajaron con variedades de plantas y razas de animales de diversas especies, con el fin de obtener organismos con atributos deseables por su valor estético, económico y alimentario. Sin embargo, no lograron establecer principios generales. Mendel por su parte, poseía una formación académica sólida y de manera excepcional elige al chícharo *Pisum sativum* como sistema experimental. La especie posee diversas ventajas, tales como: acceso fácil a numerosas variedades comerciales, costo bajo, ciclos cortos y requiere de espacios pequeños. Mendel confirmó que fueran líneas puras, hizo diseños de cruza experimentales que llevó a cabo, recolectó miles de datos obtenidos a partir de cientos de individuos, organizó la información recabada y la analizó. A partir de los datos logró establecer conclusiones brillantes e hizo las inferencias que hoy se conocen como las leyes de la segregación y la distribución independiente de los caracteres dominantes y recesivos, términos que él mismo aplicó. Los experimentos son reproducibles y se pueden hacer predicciones de los resultados esperados. Los principios siguen vigentes y son aplicables a todas las especies diploides con reproducción sexual. Durante el siglo XX se conocieron diversas excepciones a las leyes, que no las invalidan, sino que amplían el espectro de los mecanismos genéticos conocidos, entre los que destacan: la dominancia incompleta, ligamiento de genes, interacciones génicas, entre otras. Es notable que hasta la década de 1990 se llegaron a conocer algunos de los mecanismos moleculares que intervienen en la expresión de las cualidades mendelianas de los chícharos. Las aplicaciones de las leyes de Mendel son vigentes y de enorme utilidad en los campos de la Genética humana, Genética animal y de plantas. Un ejemplo notable es el catálogo de rasgos y desórdenes mendelianos de Victor A. McKusick "Mendelian Inheritance in Man" (MIM) con doce ediciones publicadas entre 1966 y 1998, así como su versión en línea OMIM. También son destacados los cientos de caracteres mendelianos que son conocidos de la mosca *Drosophila melanogaster* y de numerosas variedades de maíz. Sin embargo, hasta la fecha se han estudiado las cualidades mendelianas de pocas especies, en relación con los miles que se estima habitan el planeta: vertebrados (56 mil), moluscos (80 mil), plantas (276 mil) y cientos de miles de otras formas de vida. Por lo tanto, la Genética mendeliana tiene mucho que aportar al conocimiento de la biodiversidad conocida y de la que falta por descubrir.

CARACTERES CUANTITATIVOS: FRANCIS GALTON Y RONALD FISHER

Ángeles Espino, A.

Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias Universidad de Guadalajara
aangeles1305@gmail.com

Galton fue una polímata que abarcó diversas áreas del conocimiento. Antropólogo, Geógrafo, Inventor, Meteorólogo, Estadístico, Psicólogo y Eugenista. En base a la publicación del Origen de las especies de su primo Charles Darwin, dedicó gran parte de su vida al estudio de la variación en las poblaciones humanas y sus consecuencias, estableciendo un programa de investigación sobre múltiples aspectos de la variación humana, desde las características mentales a la altura e imágenes faciales hasta los patrones de las huellas dactilares. Para ello era necesario inventar nuevas medidas de rasgos, la elaboración de la recolección de datos a gran escala y utilizar estas medidas para llegar al descubrimiento de nuevas técnicas estadísticas para describir y comprender los comportamientos. En un primer momento estaba interesado en determinar si las capacidades humanas eran hereditarias, y propuso contar el número de familiares de varios grados de relevancia de hombres eminentes. Si las cualidades eran hereditarias, su contribución a la teoría de la herencia (leyes de la regresión filial y de la herencia ancestral, que gozaron de gran popularidad en su tiempo) ha sido superada por el desarrollo de la genética, sus estudios en el campo de la estadística conservan su valor. Quiso aplicar la selección artificial a las personas para mejorar la raza. Francis Galton define por primera vez el término. Fisher por su parte fue el primer genetista que basándose en los principios Mendelianos estableció la genética de poblaciones. Comenzó como una reconciliación de modelos de las leyes de Mendel y la bioestadística. Inició con sus escritos en 1918 y culminó en 1930 el libro *Genetical Theory of Natural Selection* (La Teoría Genética de la Selección Natural). Demostró que los caracteres métricos presentan una variación continua de la misma manera que se lleva a cabo en los procesos bioestadísticos; además que la variación continua corresponde a la acción combinadas de muchos genes discretos (cualitativos), por lo que la selección natural puede cambiar las frecuencias alélicas en una población, como una respuesta en la evolución de la población, estableciendo los principios de la genética cuantitativa que posteriormente fue seguida, estudiada y desarrollada por genetistas como Wright (1931) con el libro *Evolution in Mendelian Populations*. Estos estudios cuantitativos dieron origen al mejoramiento genético tanto en la agronomía como la zootecnia.

ROSALIND FRANKLIN. EL RECONOCIMIENTO TARDÍO A UNA CIENTÍFICA

Cortés Barberena, E.

Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo, Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa.
cobe@xanum.uam.mx

En últimos años se ha resaltado la importancia de las investigaciones de la científica Rosalind Franklin, pero en su época, afrontó muchas dificultades para ejercer su labor científica. Nació el 25 de julio de 1920 en Londres, y fue la cuarta hija de una familia acomodada. Ingresó a Cambridge a los 18 para estudiar química en el Newnham College, después de superar la oposición inicial de su padre para realizar estudios superiores. Se graduó a los 22 años y comenzó una beca universitaria en el Laboratorio de Química y Física de Cambridge, a cargo de Ronald Norris, trabajando, además para la Asociación Británica para la Investigación de la Utilización del Carbón. En 1945, terminó su tesis doctoral, la cual fue aceptada y aprobada. En 1947 realizó una estancia en París por invitación de Jacques Mering, para realizar estudios con cristalografía de rayos X en el Laboratorio Central de Estudios Químicos del Estado. Su trabajo en París fue muy productivo al publicar más de 10 artículos en tres años. Regresó a Inglaterra para integrarse al King's College de la Universidad de Londres, para aplicar las técnicas de cristalografía de rayos X en el estudio de la molécula de ADN. Rosalind Franklin obtuvo imágenes del ADN por esta técnica que fueron la base de la propuesta hecha por James Watson y Francis Crick sobre la estructura del ADN, hecho que no reconocieron en su momento. Tanto la propuesta del modelo del ADN de Watson y Crick y las fotografías de cristalografía de rayos X de Franklin y Gosling fueron publicados en el mismo número de Nature, pero no se mencionó la relación de uno con otro. Posterior a este trabajo, Rosalind Franklin se trasladó al Birbeck College, en donde se dedicó al estudio de los virus hasta su muerte, pero a diferencia del King's College, su trabajo sí fue apreciado por sus colegas. Es en fechas recientes que se ha reconocido la trascendencia de su trabajo para el conocimiento del ADN.

EL PROCESO DE INFECCIÓN DEL MAÍZ, POR *FUSARIUM TEMPERATUM* REVELADO POR GFP

Robles Barrios, K.F., Ramírez Granillo, A., Medina Canales, M.G., Gómez Lim, M., Loske Achaim, M., Pérez Néstor O., Rodríguez Tovar, A.V.

ENCB-IPN
avrodriguez@ipn.com

El género *Fusarium* es un hongo fitopatógeno que presenta una gran variedad de especies, causa enfermedades como ahogamiento y marchitez vascular en plantas de interés agrícola y comercial. Se ha reportado que una de las especies del género *Fusarium* perteneciente al complejo *Giberella fujikuroi* denominada *Fusarium temperatum* ha tomado relevancia en los últimos años en Asia, Europa y América del sur, por su capacidad devastadora de infectar cereales, es una de las cinco principales especies de *Fusarium* recuperadas en los campos de maíz belgas y hasta el 10% de las plantas estaban infectadas por esta especie al final de la temporada de crecimiento, además este hongo puede infectar cualquier parte de la planta en cualquier etapa de su desarrollo y es productora de micotoxinas. Nuestro grupo de trabajo reportó el primer aislamiento de *F. temperatum* en campos de cultivo de México. El maíz (*Zea mays* L.) es el tercer cereal más importante para la alimentación en el mundo, después del arroz y el trigo, constituye el grano de mayor peso social y económico en México, es hospedero de diferentes especies patógenas y además contamos con la mayor diversidad de razas, por lo tanto, es de gran importancia describir el proceso de infección de *F. temperatum* sobre plantas de maíz y la susceptibilidad de seis diferentes razas. En este trabajo usamos un sistema de infección *in vivo* para determinar la susceptibilidad de 6 razas diferentes de maíz mexicano. La raza más resistente fue Pepitilla, mostrando menos del 10% de daño, mientras que las razas Harinoso, Tuxpeño y Tepecintle mostraron una resistencia moderada, mientras que dos razas de maíz conocidas como Reventador y Zapata mostraron un daño más extensivo, por lo tanto, esta última raza se usó para seguir y describir el proceso de infección de *F. temperatum* sobre plántulas de maíz. Se uso una cepa fúngica transformada con el plásmido pEGFP-HPH, que expresa resistencia a higromicina y fluorescencia por la GFP, esta última nos permitió hacer el seguimiento del hongo y mostrar que penetra directamente al tejido radicular sin formar apresorios, se revisaron las plantas días post infección (dpi) y se estableció que existe un patrón de infección por *F. temperatum* que consta de una etapa biotrófica (5-10 dpi) y una etapa necrotrófica (20 dpi). Estos resultados nos permiten concluir que el patrón de infección de *F. temperatum* es hemibiotrófico y sugerimos también que en México existen razas de maíz que presentan resistencia natural a la infección por esta especie.

ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÓMICA DEL TEOCINTLE (*Zea* spp.)

Rivera-Rodríguez, D.M.^{1,2}, Mastretta-Yanes, A.³, De la Cruz Larios, L.¹, Santacruz-Ruvalcaba, F.¹, Ruiz Corral, J.A.¹, Wegier, A.⁴, Hernandez, B.², Sánchez González, J.J.¹

¹Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, UdeG, Zapopan, Jalisco, México; ²Departamento de Ciencias Básicas, Tecnológico Nacional de México, Instituto Tecnológico de Tlajomulco, Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco, México; ³Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO), Av. Insurgentes Sur 4903, Parques del Pedregal, Tlalpan 14010, CDMX, México; ⁴Laboratorio de Genética de la Conservación, Jardín Botánico, Instituto de Biología, UNAM, CDMX, México.
dinaris@hotmail.com

Las especies silvestres del género *Zea*, comúnmente conocidas como teocintles, comprenden nueve diferentes taxones que incluyen especies anuales y especies perennes diploides y tetraploides, distribuidos desde el norte de México hasta Costa Rica. Aunque este género de plantas ha sido ampliamente estudiado desde el punto de vista morfológico, ecogeográfico y genético, la mayoría de las contribuciones se han limitado al estudio de unas pocas poblaciones. Para comprender la gran variabilidad que existe entre y dentro de las especies de teocintle, es necesario incluir la gran mayoría de las poblaciones conocidas. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue evaluar la diversidad y estructura genómica de 276 poblaciones de teocintle. Los análisis moleculares se realizaron con 3604 plantas y con datos de 33929 SNPs, se calcularon los índices de diversidad nucleotídica y los índices de diversidad genómica. Los niveles de diversidad genómica por grupo taxonómico muestran una marcada diferencia entre especies y razas, donde los mayores valores de diversidad se encontraron en *ssp. parviglumis* y *ssp. mexicana*. Los valores más bajos se obtuvieron para la sección *Luxuriantes* así como para *ssp. huehuetenagensis* de la sección *Zea*. Los resultados de la genómica estructural muestran que existe una gran diferenciación genética en todos los niveles de grupos taxonómicos considerados. Para la *ssp. parviglumis* y *mexicana*, que son los taxones con mayor número de poblaciones, se encontró una marcada diferenciación genómica que concuerda con sus patrones de distribución geográfica. Estos resultados mostraron una pérdida de diversidad en varias poblaciones de teocintle, lo que constituye un argumento sólido para una mayor recolección y conservación *ex situ*. Además, este estudio destaca la importancia de integrar la diversidad y la estructura genómica para las aplicaciones de conservación y gestión.

ANÁLISIS DE LOS GENES INVOLUCRADOS EN LA BIOSÍNTESIS DE TERPENOS EN ORÉGANO MEXICANO (*Lippia graveolens*)

Acevedo Hernández, G.J.

Laboratorio de Biología Molecular Vegetal, Centro Universitario de la Ciénega,
Universidad de Guadalajara.

gustavo.acevedo@academicos.udg.mx

El orégano mexicano (*Lippia graveolens*) es una planta aromática que es ampliamente utilizada como condimento, pero que además posee diversas aplicaciones tanto tradicionales como industriales. Las propiedades que hacen tan atractiva a esta especie se deben principalmente a la composición de su aceite esencial, en el cual los monoterpenos timol y carvacrol son los constituyentes mayoritarios. La síntesis de los terpenos involucra la participación de enzimas denominadas genéricamente como terpeno sintasas, las cuales han sido ampliamente estudiadas en un gran número de especies vegetales debido a la gran diversidad de compuestos que generan, dando lugar a la mayor familia de productos naturales conocidos. Los estudios a nivel molecular en orégano mexicano son muy escasos, y no se cuenta con información sobre los genes que codifican para las terpeno-sintasas responsables de la producción de los metabolitos secundarios que le confieren a esta planta su aroma y sabor característicos. En nuestro grupo hemos aplicado varias herramientas, tanto de biología molecular como bioinformáticas, que nos han permitido obtener diferentes fragmentos de posibles genes de terpeno sintasas con los que hemos podido evaluar sus niveles de expresión en distintos tejidos y condiciones de crecimiento. De igual manera, hemos logrado aislar y clonar la región codificante de uno de estos genes con el fin de expresarlo en un sistema heterólogo y llevar a cabo su caracterización funcional. El conocimiento de los genes de terpeno sintasa y su regulación nos permitirá definir si las grandes variaciones que se han observado en la composición de metabolitos secundarios en el orégano mexicano se deben al menos en parte al efecto de los factores ambientales sobre la expresión de estos genes. Finalmente, y no menos importante, la comparación de estos genes con los que ya han sido identificados en la planta de orégano europeo (*Origanum vulgare*) será una gran oportunidad para estudiar el fenómeno de evolución convergente de estas enzimas, por el que especies vegetales pertenecientes a distintas familias taxonómicas son capaces de producir los mismos compuestos, como observamos en estas dos plantas que son agrupadas bajo la denominación común de orégano.

CITOGENÉTICA DE INSECTOS: CONTRIBUCIÓN DE LA CITOGENÉTICA AL ESTUDIO DE LA CLASE INSECTA.

Heres y Pulido, M.E.I.

Laboratorio de Genética Toxicológica, Biología, FES Iztacala, UNAM, Los Barrios N°1, Los Reyes Iztacala, C.P. 54090, Tlalnepantla, Estado de México, México.
eugeniaheres@hotmail.com

De la Clase Insecta del Phyla Arthropoda se ha descrito cerca de un millón de especies que representan casi tres cuartas partes de los animales conocidos. Se calcula que en el planeta existen de 5 a 10 millones de especies de insectos, y los más numerosos son los coleópteros (escarabajos, mariquitas), lepidópteros (mariposas y polillas), himenópteros (hormigas, abejas, avispas), y dípteros (moscas, mosquitos). Esta inmensa variedad de especies de la Clase Insecta constituye un reto para su estudio, pero también una fuente inagotable de información genética y celular a la que la citogenética sigue contribuyendo. Las técnicas para el análisis de los cariotipos pueden dividirse en tradicionales y modernas; las tradicionales incluyen el bandeo C, G y AgNOR; las modernas utilizan bases específicas con fluorocromos, FISH e inmunocitoquímica. Ambos tipos de técnicas han permitido determinar, entre otras características, la diversidad genética inter e intraespecífica, la importancia de los cromosomas holocéntricos en la meiosis inversa, el número de cromosomas y su relación con la determinación del sexo, así como la evolución y diversidad de los cariotipos en ambientes naturales.

CITOGENÉTICA VEGETAL: LAS PLANTAS SUPERIORES COMO BIOENSAYOS EN LA EVALUACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD DE AGENTES AMBIENTALES

Valencia-Quintana, R.¹, Cortes-Eslava, J.², Flores-Márquez, A.R.², Sánchez-Alarcón, J.¹

¹Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini de Toxicología Genómica y Química Ambiental, CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. ²Laboratorio de Genotoxicología y Mutagénesis Ambientales, Instituto de Ciencias de la Atmósfera y Cambio Climático, UNAM. Ciudad de México, México.

prvq2004@yahoo.com.mx

En la evaluación del potencial genotóxico de agentes físicos, químicos y biológicos se han empleado diferentes sistemas de prueba desde virus hasta mamíferos y cultivos celulares. Desde hace varias décadas, a los ensayos genéticos en vegetales para detectar alteraciones cromosómicas y mutaciones génicas se les ha dado gran importancia. En la actualidad, están bien establecidos y son reconocidos para la exploración y el monitoreo de contaminantes ambientales en agua, aire y suelo, algunos de ellos avalados por el Gene-Tox Program. Los bioensayos de *Vicia faba* y *Tradescantia* analizan biomarcadores como las alteraciones cromosómicas (aberraciones cromosómicas, intercambios de cromátidas hermanas, micronúcleos, fragmentación del ADN) y nucleares (brotes nucleares, cariorrexis), inducidas por diversos agentes. En general algunas de las ventajas de los modelos vegetales son: disponibilidad durante todo el año; facilidad de manejo; bajo costo; gran sensibilidad; reproducibilidad y se pueden llevar al sitio contaminado para monitoreos *in situ*. Además, no sólo son capaces de elucidar la genotoxicidad del contaminante original sino también de sus metabolitos. Los agentes probados pueden clasificarse como citotóxicos/genotóxicos y pueden proporcionar información sobre su mecanismo de acción, que puede ser de naturaleza clastogénica o aneugénica. Por ello *Vicia faba* y *Tradescantia* se usan ampliamente para evaluar agentes tóxicos y son idóneos para estudios ecotoxicológicos, en las que el efecto genotóxico de los compuestos o contaminantes del sitio a evaluar se verifica en células somáticas y en células gaméticas respectivamente. Las comparaciones entre los ensayos genéticos vegetales y no vegetales indican que los primeros tienen una alta sensibilidad. Basados en sus aplicaciones para evaluar la calidad ambiental, se presenta una descripción general de estos sistemas de prueba y su eficiencia para elucidar los agentes que causan daño genético, dada su situación en la base de la cadena trófica capaces de bioacumular xenobióticos tóxicos y transferirlos a niveles superiores, poniendo de manifiesto su relevancia en estudios de genotoxicología ambiental.

CITOGENÉTICA HUMANA: EN POBLACIÓN PEDIÁTRICA EN MÉXICO

Molina Álvarez, B.

Citogenética. Instituto Nacional de Pediatría. Facultad de Ciencias, UNAM. Maestría en Ciencias Médicas, Facultad de Medicina, UNAM
bertha_molina@yahoo.com.mx

La citogenética humana estudia los cromosomas y su herencia, es una herramienta sumamente útil en el diagnóstico de enfermedades genéticas conocidas y en el descubrimiento de nuevos síndromes en el área de la Genética Médica. Para esto, existen diferentes metodologías citogenéticas que permiten analizar la estructura (translocaciones e inversiones), el número (aneuploidías) y la función de los cromosomas humanos. En primer lugar, se emplea la citogenética clásica, la cual, a través de diferentes técnicas de bandeado cromosómico, detecta ganancia o pérdida de material eucromático y heterocromático con un límite de resolución de 3-5 Mb (bandas GTG), principalmente en alteraciones cromosómicas constitucionales y/o relacionadas con cáncer. Las aneuploidías más frecuentemente encontradas con esta estrategia son la trisomía 21 (Síndrome de Down,) la monosomía del cromosoma X (Síndrome de Turner) y las estructurales como pérdidas de regiones cromosómicas 4p o 5p (Síndrome de Wolf o Cri du Chat). En segundo lugar, para incrementar el nivel de resolución en la identificación o discernimiento de alteraciones cromosómicas que pasan inadvertidas con bandas, o bien, que no se tienen células vivas en división, se utiliza la citogenética molecular que se basa en la hibridación in situ de sondas de DNA marcadas en forma fluorescente (FISH). Con el uso de sondas de secuencia única se pueden detectar alteraciones estructurales de 200 kb, con sondas centroméricas, de tinción completa del cromosoma o FISH multicolor se identifican aberraciones balanceadas o desbalanceadas y mosaicos celulares mayores al 3%. A nivel clínico, la citogenética humana es de gran importancia porque además de diagnosticar enfermedades genéticas y proporcionar consejo genético, ayuda a delinear nuevas correlaciones genotipo-fenotipo. En el área de investigación contribuye a conocer diversos cambios en el genoma de pacientes tratados con quimioterapia y en enfermedades con predisposición a cáncer. Se presentará la experiencia del laboratorio de Citogenética del Instituto Nacional de Pediatría en la detección de aberraciones cromosómicas en la población pediátrica y en proyectos de investigación.

CITOGENÉTICA DE ROEDORES: EFECTOS CITOGENÉTICOS DE ALGUNOS METALES EN RATÓN.

Álvarez Barrera, L.

Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, UNAM.
alvarezbarreralucila@gmail.com

El ser humano está expuesto a diversos metales que se encuentran en el ambiente, ya sea de origen natural como las erupciones volcánicas o por la actividad antropogénica, estos elementos ingresan al organismo por diferentes vías incluyendo la inhalación de aire contaminado, el consumo de agua y alimentos. La exposición a concentraciones elevadas de estos compuestos, pueden dañar la salud humana a diferentes niveles, producir inflamación, alergias, modificar o interferir con la reproducción humana como la formación de gametos, la fertilización, producir alteraciones en el desarrollo embrionario, daño en los cromosomas y en el ADN. En la unidad de Investigación en Genética y Toxicología ambiental, de la FES-Zaragoza, se evalúan los efectos producidos por diferentes compuestos con metales, entre los que se encuentran los de vanadio, talio, cadmio, indio y arsénico utilizando como modelo biológico al ratón. Algunos de los parámetros evaluados son: índice mitótico (IM), proliferación celular, intercambio de cromátidas hermanas ICH, aberraciones cromosómicas AC, micronúcleos MN y daño al ADN. Actualmente estamos investigando los efectos, que pueden producir los compuestos metálicos en el desarrollo embrionario y los cromosomas de los fetos obtenidos de ratones hembra tratadas con compuestos de vanadio y talio.

APORTACIONES A LA GENÉTICA DEL LABORATORIO DE GENOTOXICOLOGÍA AMBIENTAL DEL INSTITUTO DE CIENCIAS DE LA ATMÓSFERA Y CAMBIO CLIMÁTICO DE LA UNAM

Gómez-Arroyo, S.

Grupo de Biología y Química Atmosféricas. Laboratorio de Genotoxicología Ambiental
Instituto de Ciencias de la Atmósfera y Cambio Climático, UNAM.
slga@atmosfera.unam.mx

Debido al alcance de conocer el efecto de los contaminantes atmosféricos sobre el material genético, el Laboratorio de Genotoxicología y Mutagénesis Ambientales, del Instituto de Ciencias de la Atmósfera y Cambio Climático (ICAYCC) de la UNAM, durante más de cuatro décadas ha estado analizando el daño producido por los mismos, utilizando biomarcadores en diversos sistemas biológicos de prueba, así como en poblaciones ocupacionalmente expuestas. Estos estudios han merecido reconocimiento tanto a nivel nacional como internacional, siendo una línea de investigación que le ha dado trascendencia al ICAYCC, por el impacto de los resultados generados y contribuyendo de manera relevante a la comprensión del comportamiento de los contaminantes en los diferentes sistemas de evaluación, los cuales, sin lugar a duda, han constituido una aportación a la Genética por los logros obtenidos sobre el daño provocado al DNA. Dichas contribuciones también se han visto reflejadas a través de la formación de recursos humanos mediante la dirección de tesis de Licenciatura, Maestría y Doctorado, lo que ha propiciado la creación de nuevos grupos de investigación, cuyos líderes, colaboradores y alumnos, se han incorporado como miembros a la Sociedad Mexicana de Genética. En esta conferencia se presentará un breve panorama de las investigaciones desarrolladas durante el lapso antes mencionado utilizando distintos ensayos tales como la bacteria *Salmonella typhimurium*, plantas, cultivos y/o líneas celulares y poblaciones ocupacionalmente expuestas, mediante el empleo de biomarcadores de daño genotóxico para la evaluación del efecto ocasionado por diversos contaminantes ambientales, como hidrocarburos aromáticos policíclicos, metales pesados, plaguicidas, entre otros.

VACUNAS NUEVAS, LEGADO DE LA GENÉTICA MOLECULAR

Arellano Llamas, M.R.

Escuela Médico Naval, Secretaría de Marina Armada de México
mar55mas@hotmail.com

Desde hace más de 300 años la humanidad inició la batalla contra las enfermedades infecciosas. Desde 1796 con la variolación y hasta el 2020, hemos hecho un recorrido de 5 siglos en investigación en cuanto a patógenos y sus medios de infección buscando sobrevivir a los agentes infecciosos. Ha sido el trabajo entre inmunología, salud pública y biología (genética y genómica) lo que nos ha traído al 2020 a probar nuevas formas de inmunización. Para sobrevivir hemos dependido por muchos años de las vacunas convencionales fundamentadas en patógenos vivos o atenuados y en subunidades proteicas que han podido tardar meses en ser producidas aun conociendo el agente causal de enfermedad y considerando que, para hacer frente a una pandemia disponemos de alrededor de 4 a 6 meses desde la identificación del agente causal hasta la producción de la vacuna para contenerla es que se ha pensado en otras formas de obtención de vacunas. La esperanza puesta en las vacunas para contener y combatir enfermedades infecciosas ha conducido a la selección de nuevos antígenos y al desarrollo de nuevas plataformas vacunales. Los vectores virales han conformado una de las plataformas consideradas como novedosas debido a la escalabilidad y velocidad de producción para satisfacer la demanda mundial ante una pandemia; se les reemplaza la capacidad replicativa con el gen viral/antígeno de interés, tal es el caso de las vacunas contra Ébola, SARS-CoV-2, Zika, VIH, Influenza. Por otra parte, también se ha logrado no depender de ninguna partícula viral o agente patógeno para la inmunización al hacer uso de los RNA's mensajeros virales, como se ha hecho con el SARS-CoV-2. Se ha tomado y modificado de manera específica únicamente el material genético para que la maquinaria celular del hospedero genere las proteínas necesarias para establecer la respuesta inmune satisfactoria contra el virus. El seguimiento en tiempo real de la evolución viral a través de la secuenciación de genoma completo de SARS-CoV-2, ha permitido identificar las variantes virales circulantes con las que se deberán actualizar las vacunas rápida y eficazmente para dar fin al período pandémico.

RECURSOS Y MEJORAMIENTO GENÉTICOS DE FRIJOL

Lépiz Ildfonso, R.

CUCBA-UDG

rogelio.lepiz@academicos.udg.mx

La variabilidad genética es la materia prima de la evolución de las especies. Para que la selección natural pueda actuar sobre un carácter, debe haber alelos diferentes para el gen o genes responsables de la expresión de éste; cuanta más variación haya en una población, la especie tendrá mayores probabilidades de adaptarse y cambiar en respuesta a las presiones de la selección natural. De manera similar, en el mejoramiento genético de las especies vegetales de interés antropocéntrico, a mayor variación genética útil dentro de una población, existen mayores probabilidades de seleccionar genotipos con combinaciones superiores de genes. La variabilidad genética en frijol común cultivado es notable; se agrupa en seis razas con cientos de variedades cada una. En características de tipo agronómico se presentan: variación de la semilla en tamaño (el peso de 100 semillas puede variar desde 16 hasta 100 gramos), forma (arriñonada, plana, esférica, cilíndrica, ovoide o prismática) y color; hábito de crecimiento, ciclo vegetativo y resistencia a enfermedades y plagas. En la forma silvestre, sólo en México se reportan 70 especies de *Phaseolus*, de las cuales se han domesticado cinco: *Ph. vulgaris* (frijol común); *Ph. coccineus* (frijol ayocote); *Ph. lunatus* (frijol lima); *Ph. acutifolius* (frijol tepary) y *Ph. dumosus* (frijol gordo). No obstante, la literatura señala que la reducida ganancia genética obtenida por mejoramiento genético del frijol común en los centros de investigación nacionales e internacionales se puede deber a la estrecha base genética de las formas cultivadas llamado efecto fundador, donde pocas poblaciones silvestres fueron involucradas en el proceso de domesticación y a la reducida y casi nula utilización de la extensa variabilidad genética disponible en el germoplasma silvestre. Por lo anterior, la literatura afirma que casi todo el mejoramiento potencial futuro del frijol común dependerá del aprovechamiento y explotación del germoplasma cultivado y silvestre de los dos acervos genéticos mesoamericano y andino. La estrategia debe ser un mejoramiento a largo plazo y con una base genética suficientemente amplia, partiendo del desarrollo de poblaciones donde se integren genes de diferente origen, incluyendo de ser posible, genes de los complejos genéticos emparentados, tanto de las formas domesticadas como silvestres, utilizando métodos de hibridación y selección recurrente, así como del uso de técnicas biotecnológicas para hacer más efectiva su utilización mediante mecanismos más eficientes de identificación y selección genética.

CITOGENÉTICA HUMANA: LA ANEMIA DE FANCONI EN MÉXICO

Frías Vázquez, S.

Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM.
Laboratorio de Citogenética, Instituto Nacional de Pediatría
sarafrias@iibiomedicas.unam.mx

La anemia de Fanconi (AF) es un síndrome de inestabilidad cromosómica, con una prevalencia de 1-9/millón de personas. Su fenotipo se reconoce por presentar malformaciones congénitas, falla medular (pancitopenia) y riesgo incrementado a desarrollar cáncer. Se origina por la falla de uno de los 22 genes (FANCA-W) que conforman vía FA/BRCA, encargada de la reparación de enlaces covalentes que entrecruzan las dos hebras del DNA (ECC). La consecuencia de la falla de la vía FA/BRCA es la generación de aberraciones cromosómicas estructurales como figuras radiales, translocaciones, dicéntricos y roturas cromatídicas, isocromatídicas y fragmentos cromosómicos. Esta inestabilidad cromosómica es una característica celular constante en los pacientes AF, que permite realizar el diagnóstico citogenético independientemente del gen afectado. El laboratorio de Citogenética del Instituto Nacional de Pediatría es el mayor centro de referencia para el diagnóstico de la anemia de Fanconi en México y sede del Registro Mexicano de anemia de Fanconi (RAFMex). Se presentará el trabajo de nuestro laboratorio en el que se han estudiado a nivel cromosómico, las consecuencias genotóxicas de la hidroxíurea. A nivel celular los mecanismos moleculares que permiten a la célula tomar la decisión celular entre apoptosis y sobrevivida con daño genómico. A nivel clínico el estudio de las alteraciones del desarrollo físico que caracterizan a los pacientes. Todo lo anterior se ha logrado gracias al trabajo integrado de varios grupos de investigación nacionales e internacionales, que colaboran con los investigadores del laboratorio de Citogenética del Instituto Nacional de Pediatría.

DAÑO PROVOCADO POR MITOMICINA C EN CÉLULAS DE BAZO PROVENIENTES DE RATAS LACTANTES DESNUTRIDAS

Cortés-Barberena, E.^{1*}, González-Gutiérrez, A.M.¹, García-Salazar, G.², Ortiz-Muñiz, A.R.¹

¹Lab. de Biología Celular y Citometría de Flujo, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa, Avenida San Rafael Atlixco 186, CP. 09340 CDMX, México.

²Licenciatura en Biología Experimental, UAM-Iztapalapa, CDMX, México.
cobe@xanum.uam.mx

La desnutrición perjudica al 9.8% de la población mundial, este padecimiento se relaciona con la presencia de un sistema inmunológico comprometido y daño al ADN. El objetivo de este trabajo fue analizar el daño celular inducido por mitomicina C (MMC) a diferentes concentraciones en células de bazo *in vitro*. Se indujo desnutrición experimental en ratas Wistar lactantes colocando a una nodriza 16 crías (grupo desnutrido, DN) y para el grupo de referencia bien nutrido (BN) 8 crías. A partir del día posterior al nacimiento (día 1) se pesaron cada tercer día para determinar el grado de desnutrición, conforme el déficit de peso comparado con el grupo BN. El día 21 (destete), se extrajo bazo de ratas BN y con DN leve (DNL), moderada (DNM) y grave (DNG). Se hizo cultivo primario de bazo a una concentración de 1×10^6 en medio RPMI suplementado al 5% con SFB, añadiendo PHA a una concentración final de 25 μ l/ml y MMC a diferentes concentraciones (10, 25, 50 y 75ng); se incubaron 48 hrs a 37°C y 5% de CO₂. Se utilizó azul tripano para revisar la viabilidad celular y el yoduro de propidio (IP) para corroborar e identificar la cantidad de ADN por citometría de flujo. Se analizaron 20000 eventos por muestra en un citómetro FACScalibur. Viabilidad: El porcentaje de células viables en ratas BN sin tratamiento fue de 95.57 ± 1.46 , conforme aumenta el grado de desnutrición y la concentración de MMC la viabilidad disminuye. Contenido de ADN: Las muestras sin tratamiento de BN (G1: 51.45%), DNL (G1: 62.59%) y DNM (G1: 41.54%) presentan mayor porcentaje en la etapa G1; las DNG presentan mayor porcentaje en la etapa de síntesis (S: 62.98%). La mayoría de las muestras tratadas con MMC a distintas concentraciones, presentan un mayor porcentaje de células en la fase S. La desnutrición genera alteración en el ciclo celular probablemente ocasionado por una mayor susceptibilidad ante el daño al ADN provocado por químicos como la MMC.

RELACIÓN ENTRE LA PRESENCIA DE POLIMORFISMOS EN LOS GENES *RLEP*, *LEP*, *FTO*, *ADIPOQ* Y EL RIESGO DE PADECER DIABETES MELLITUS TIPO 2 EN POBLACIÓN MEXICANA MORELENSE

Martínez-Lara, C.M.^{1,2}, Martínez-Ramírez, O.C.¹, Salazar Piña, D.A.¹,
Portillo Jacobo, J.A.¹, Casas-Ávila L.^{2*}

¹Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Facultad de Nutrición. ²Instituto Nacional de Rehabilitación. Departamento de Medicina Genómica.
cmmlara0818@gmail.com

La diabetes mellitus tipo 2 (DMT2) es un problema de salud que afecta duramente a México. Existen estudios aislados sobre la asociación de polimorfismos en los genes *RLEP*, *LEP*, *FTO* y *ADIPOQ* con DMT2. Con este trabajo nos proponemos hallar la correlación entre la presencia de 8 polimorfismos en estos genes y su relación con el riesgo de padecer DMT2, en 199 sujetos con DMT2 y 199 sin la enfermedad. La genotipificación se está realizando por PCR en tiempo real con sondas TaqMan. Las variables que muestran diferencias significativas son: los niveles de glucemia ($p < 0.001$), triglicéridos ($p < 0.0001$), hemoglobina glucosilada ($p < 0.0001$) e IMC ($p < 0.0001$). Con respecto a la edad y niveles de colesterol, no existen diferencias significativas. Hasta el momento se han genotipificado 85 casos y 85 controles con 2 polimorfismos del gen de leptina (*LEP*). El genotipo AA del rs7799039, resultó asociado con 2.6 veces más riesgo de padecer diabetes ($p = 0.031$; OR=2.59 [1.06-6.33]), mientras que el rs2167270, no se asoció. Sin embargo, el análisis de haplotipos muestra que, los individuos portadores del alelo G de ambos polimorfismos (haplotipo GG), tienen un riesgo 75% menor de DMT2 ($p = 0.02$; 0.25 [0.08 - 0.80]). Actualmente, se está incrementando el tamaño de muestra de ambos grupos para genotipificar el resto de los polimorfismos de interés para el presente estudio y realizar el análisis global. Resta analizar 6 polimorfismos en otros genes que se han asociado en varias investigaciones con riesgo de DMT2, para determinar si son útiles como marcadores genéticos de riesgo en población morelense. Los resultados preliminares indican que el gen *LEP*, se asocia con diabetes en la población de estudio.

FRECUENCIA DE POLIMORFISMOS DEL GEN DE LA APOPOLIPROTEINA E, EN PACIENTES CON LA ENFERMEDAD DE ALZHEIMER

Bocanegra-Márquez, K.G., Bivián-Castro, E Y, Martínez-Cano, E*

Departamento de Ciencias de la Tierra y de la Vida. Centro Universitario de los Lagos.
UDG. Enrique Díaz de León 1144 Lagos de Moreno, Jal.
evelia.martinez@academicos.udg.mx

La enfermedad de Alzheimer (EA), es un trastorno neurodegenerativo progresivo que afecta el cerebro y es considerada la primera causa de demencia en el mundo. La apolipoproteína E (ApoE) es una proteína de 299 aminoácidos, codificada por un gen en el cromosoma 19q13.2-q13.3. El gen APOE es polimórfico, los alelos más comunes son E2, E3 y E4 que se heredan de forma codominante, lo que da como resultado a tres genotipos homocigotos (E2/E2, E3/E3, E4/E4) y tres heterocigotos (E3/E2, E4/E2, E4/E3). La presencia del alelo E4 incrementa el riesgo de padecer la EA. El objetivo de este trabajo fue determinar la distribución de frecuencias alélicas y polimórficas del gen de la ApoE en pacientes con la EA. En el estudio se incluyeron 25 pacientes, se clasificaron de acuerdo con el grado de demencia como leve, moderado y severo, según el inicio de la enfermedad como temprano o tardío, y como familiar o esporádico. A partir de sangre periférica se extrajo ADN genómico. Se amplificó un fragmento 227 pb del exón 4 de la ApoE por medio de PCR a partir de iniciadores específicos y se identificaron los polimorfismos con la enzima HhaI en geles de poliacrilamida al 12%. Los resultados mostraron que la edad promedio fue 58.8 ± 11.7 años, el número de mujeres fue mayor que el de hombres (56% y 44%). El 60% corresponde a EA de inicio temprano y el 40% de inicio tardío. De acuerdo con el grado de demencia el 68% está en fase severa, 24% en moderada y el 8% en leve. Las frecuencias alélicas observadas para E2, E3 y E4 fueron del 8, 36 y 56%, respectivamente. Las frecuencias genotípicas fueron del 28% para E4/E4, 4% para E3/E3, 0% para E2/E2, 4% para E4/E2, 52% para E4/E3 y 12% para E3/E2. Los alelos más frecuentes fueron E4 y E3 con 56 y 36%. En relación con los resultados obtenidos, el análisis de los alelos del gen de la ApoE muestra una asociación significativa con la EA. Los resultados concuerdan con los reportados, referente al alelo E4 que presenta mayor frecuencia (56%) en pacientes con la EA.

EXPRESIÓN DE *ACE2* EN EL HÍGADO DE PACIENTES CON OBESIDAD: ASOCIACIÓN CON MARCADORES BIOQUÍMICOS, CITOCINAS PROINFLAMATORIAS Y DATOS CLÍNICOS

Ocampo-Aguilera, N.A.¹, Méndez-García, L.A.^{2*}, Escobedo G.², Solleiro-Villavicencio H.^{1**}

¹Posgrado en Ciencias Genómicas, Universidad Autónoma de la Ciudad de México

²Laboratorio de Inmunometabolismo, División de Investigación, Hospital General de México "Eduardo Liceaga"

*angelica.mendez.86@hotmail.com; **helena.solleiro@uacm.edu.mx

La obesidad es una enfermedad crónica caracterizada por la inflamación crónica de bajo grado a nivel sistémico y local. Esta enfermedad es un factor de riesgo para desarrollar enfermedades como la NAFLD, que surge de la esteatosis, los procesos proinflamatorios y los fibróticos. Existe evidencia que sugiere que el sistema renina-angiotensina hepático juega un papel crítico en el metabolismo de lípidos y el desarrollo de la inflamación en este órgano. En particular, se ha demostrado que la enzima convertidora de angiotensina 2 (*ACE2*) regula genes relacionados con la inflamación, lo cual sugiere que su expresión está asociada con el desarrollo de procesos inflamatorios hepáticos en personas con obesidad propensas a desarrollar NAFLD. En ese sentido, el objetivo de este trabajo fue determinar los niveles de expresión de *ACE2* en el hígado de pacientes con obesidad y analizar si existe una correlación entre la expresión del mRNA de dicho gen y distintos parámetros bioquímicos, clínicos y antropométricos, así como los niveles de mRNA de citocinas proinflamatorias. Para ello se incluyeron 70 muestras de tejido hepático de pacientes con obesidad. Para evaluar la expresión de *ACE2*, el mRNA de *ACE2* y las citocinas proinflamatorias, se aisló el ARN y se realizó una RT-qPCR. Los resultados de RT-qPCR se analizaron mediante el método de ΔCt . Se evaluó la correlación entre la expresión de *ACE2*, citocinas proinflamatorias y distintos parámetros bioquímicos y clínicos a través de un análisis de regresión lineal múltiple y de correlación. Se encontró una mayor expresión de *ACE2* en personas con obesidad e hipertensión. Así como también se encontró una menor expresión del mRNA de *ACE2*, IL-6 y TNF- α en hombres, al compararse con las mujeres. El nivel de expresión de *ACE2* se correlacionó positivamente con los niveles de mRNA de IL-6, TNF- α e IL-1 β . Asimismo, se encontraron correlaciones negativas entre *ACE2*-GGT y *ACE2*-albúmina. Estos datos y los resultados reportados por otros autores sugieren que las citocinas proinflamatorias pueden estar implicadas en la regulación de la expresión hepática de *ACE2*, y que esta última puede influir en los valores de parámetros de daño hepático como la albúmina y la GGT.

ALTA PREVALENCIA DE HIPERCOLESTEROLEMIA FAMILIAR CAUSADA POR LA VARIANTE C.2271DEL *LDLR*: GRAVE PROBLEMA DE SALUD EN EL MUNICIPIO DE SANTA MARÍA YUCUHITI, OAXACA

Rodríguez Gutiérrez, P.G.^{1,2}, Hernández Flores, T.J.^{3,4}, Solís Gómez, U.⁵, Zepeda Olmos, P.M.^{1,2}, González García, J.R.², Magaña Torres, M.T.*²

¹Doctorado en Genética Humana, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Guadalajara, México. ²División de Genética, Centro de Investigación Biomédica de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Guadalajara, México. ³Departamento de Disciplinas Filosófico, Metodológicas e Instrumentales. Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Guadalajara, México. ⁴Hospital Civil de Guadalajara "Fray Antonio Alcalde" Instituto de Investigación en Inmunodeficiencias y VIH, Guadalajara, México.

⁵Servicio de Medicina Interna del Hospital General del ISSSTE Dr. Aquiles Calles Ramírez, Tepic, Nayarit.

*maganamt@gmail.com

La hipercolesterolemia familiar (HF) se caracteriza por niveles elevados de colesterol LDL. Por su modo de herencia autosómico dominante se definen dos fenotipos: heterocigoto y homocigoto, con una frecuencia a nivel mundial de 1:250 y 1:250,000, respectivamente. El objetivo de este estudio es analizar los genes *LDLR* y *APOB*, en pacientes mexicanos con HF que residan en el municipio de Santa María Yucuhiti (SMY), Oaxaca; en donde se identificaron previamente al menos tres casos homocigotos para la enfermedad. A 1811 individuos del municipio de SMY se les tomó una muestra sanguínea para la cuantificación de lípidos y la extracción de ADN. En el análisis molecular se incluyeron adultos y niños con LDL ≥ 170 mg/dL y ≥ 130 mg/dL, respectivamente, quienes fueron sugestivos de HF. Para el tamizaje se utilizó secuenciación, iniciando con el tamizaje del exón 15 del gen *LDLR* donde se localiza la variante c.2271del observada en los casos homocigotos previamente identificados. Como resultados se detectaron a 201/1811 (11.1%) individuos con un diagnóstico compatible de HF (LDL 130.0–383.2 mg/dL) y en 146 (72.6%) se encontró la variante c.2271del, esta delección de Timina genera una proteína trunca de 759 aa, p.Leu759Serfs*6 (rs875989940), que carece de los dominios rico en azúcares, transmembrana y citoplasmático. En el análisis de 174 familiares, 15 (8.6%) portaban la variante c.2271del (LDL 60-168 mg/dL); y según el valor de LDL, 12 tenían un fenotipo compatible con hipercolesterolemia de tipo poligénica y 3 con uno de penetrancia incompleta. En 40/55 pacientes no relacionados sin la delección, se examinaron los genes *LDLR* completo y *APOB* (fragmento de 547pb, exón 26); siete pacientes (seis heterocigotos y uno homocigoto) tuvieron la variante benigna p.R3638Q (rs1801701) en *APOB* y en ninguno se encontraron variantes patogénicas. Como conclusión, la frecuencia de HF en el municipio SMY es del 8.9% (161/1811) lo cual representa un grave problema de salud. Todos los pacientes fueron heterocigotos para la variante c.2271del, identificada sólo en población de Oaxaca. En 55 individuos con sugestiva HF no se ha identificado la causa genética.

COMPARACIÓN DE HOMOLOGÍAS ESTRUCTURALES *IN SILICO* DE COMPUESTOS DE *HERICIUM ERINACEUS* Y SU POTENCIAL FARMACOLÓGICO EN CÁNCER

Cebreros Verdín, A.M.¹, Sánchez Parada, M.G.², Sobrevilla Navarro, A.A.²,
González Santiago, A.E.*²

Ingeniería en Nanotecnología, Departamento de Ingenierías, Centro Universitario de Tonalá¹, México. Departamento de Ciencias Biomédicas, Centro Universitario de Tonalá², México.

El cáncer no es una sola enfermedad, sino un grupo de más de 200 enfermedades diferentes. Los diferentes tipos de cáncer muestran distintas anormalidades genéticas, por lo que es importante buscar blancos terapéuticos dentro de las rutas celulares de cáncer alteradas. El hongo melena de león (*Hericum erinaceus*) es un hongo comestible de uso en la medicina tradicional china, del cual se han descrito 158 compuestos diferentes con potencial actividad biológica. **Objetivos.** Comparar las interacciones de 10 compuestos de *Hericum erinaceus* en un modelo de predicción de funciones por homología 2D y 3D *in silico*, y sus efectos dentro de las rutas en cáncer y evaluar su potencial farmacológico. **Métodos.** Se realizó un análisis mediante el predictor de homologías SwisstargetPrediction basado en secuencias SMILES de 10 compuestos derivados de *H. erinaceus*. Así mismo, se evaluó mediante algoritmos (Lipinski, Ghose, Veber, Egan y Muegge) el potencial farmacológico, la posible interacción con citocromos CYP, tamaño molecular, solubilidad, absorción gastrointestinal y potencial para atravesar barrera hematoencefálica (Software SwissADME). Finalmente, se utilizó una herramienta de agrupamiento de funciones basado en la base de datos KEGG, para conocer las rutas moleculares posiblemente moduladas por los 10 compuestos. **Resultados.** Se evaluaron 10 compuestos de *Hericum erinaceus* (Hericenona J, Hericenona A, Hericenona C, Erinacine A, Erinacine D, Erinacine Q, Erinacine C, Erinacine E, Erinacine F y Erinacine I). Su peso molecular oscila entre 316 y 570 Da. Erinacina I, Hericenone A y Hericenone J se comportan como inhibidores de CYP3A4, CYP1A2 y CYP2D6, respectivamente. Los 10 compuestos muestran actividad en blancos de rutas de celulares implicadas en cáncer como: apoptosis, evasión del sistema inmune, angiogénesis, proliferación, inmortalidad y adhesión celulares. Además, siete compuestos mostraron solubilidad, y tres de ellos mostraron patrones de alta solubilidad y absorción gástrica. **Conclusiones.** Los compuestos analizados de *Hericum erinaceus* mostraron potencial de modulación génica en rutas de cáncer y patrones de solubilidad y farmacocinética potenciales para su aplicación en modelos experimentales de cáncer *in vivo*.

DIVERSIDAD DE BACTERIAS SULFATO-REDUCTORAS EN LOS CENOTES DE ALDAMA, TAMAULIPAS

Sánchez Torres, D.R., Flores Gracia, J.*

División de Estudios de Posgrado e Investigación, Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria, Boulevard Emilio Portes Gil No. 1301, C. P. 87010, Ciudad Victoria Tamaulipas, México. *jfloresgracia@yahoo.com.mx

Las bacterias sulfato-reductoras (BSR) presentan una gran diversidad de especies y una distribución cosmopolita. La diversidad de estas bacterias depende del pH y la cantidad de sulfatos del sustrato, que son la base para los cultivos a escala de laboratorio. En el municipio de Aldama, Tamaulipas se encuentran cinco cenotes, los cuales presentan alto contenido en azufre y están catalogados como una zona de aguas hipotermales con temperaturas cercanas a los 31°C. El presente estudio plantea que debido a la variación de los parámetros ambientales de las diferentes pozas se podrá obtener una alta diversidad de especies de bacterias sulfato-reductoras presentes y, además, diferencias en cuanto a los géneros encontrados en cada una. Para este trabajo se emplearon un total de 6 medios de cultivo diferentes bajo condiciones anaeróbicas en los cuales se inocularon muestras de costra de la pared superficial de cada cuerpo de agua. Los análisis estadísticos contemplan PERMANOVA para determinar diferencias entre los cenotes y se obtendrán los listados de diversidad de cada una. La hipótesis señala diferencias en la diversidad de especies entre los cuerpos de agua debido a las altas concentraciones de sulfuro de hidrógeno, sulfatos y el pH ligeramente ácido que varía entre ellas. Se obtuvieron diferencias en cuanto a la preferencia de crecimiento en medio líquido. Al sembrar las cepas a medio sólido se obtuvieron colonias aisladas a las que posteriormente se les realizó extracción de ADN. Los géneros se determinaron por caracterización morfológica mediante microscopía de cada cepa para posteriormente aplicar un análisis molecular por PCR del gen 16s rRNA y RFLPs. La secuenciación de los amplicones del 16s RNA ribosomal se usará para obtener las especies. También se obtuvieron cambios en la coloración de los medios sólidos que fueron asociadas a la reacción oxidativa al retirar las condiciones anóxicas. Además, como trabajo posterior, el cultivo *in vitro* será cotejado con las pruebas realizadas *in situ* por metagenómica para obtener el rango de eficacia de cada medio.

BACTERIAS AEROBIAS PRESENTES EN CENOTES UBICADOS EN EL EJIDO LA AZUFROSA, ALDAMA, TAMAULIPAS, MÉXICO

Borjas Rodriguez, A. y Flores Gracia, J.*

Departamento de Ing. Química y Bioquímica, Licenciatura en Biología, Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria, Boulevard Emilio Portes Gil No. 1301, C. P. 87010, Ciudad Victoria Tamaulipas, México.

*borjasalexandra@gmail.com

Llamamos cenotes a aquellos espacios naturales que acumulan aguas subterráneas, profundas generalmente, en los cuales podemos observar formaciones o límite rocoso, suelen tener en promedio temperaturas desde 24°C y un pH de 7.0. En el presente estudio se tomó como objetivo detectar bacterias aerobias en los cenotes ubicados en el ejido La Azufrosa, Aldama, Tamaulipas, ya que tienen un alto contenido de azufre y sus aguas son clasificadas como hipotermales; ejecutándose mediante PCR-RFLP´s de la región 16sRNA ribosomal, siguiendo la metodología propuesta por Jang-Jih Lu 2000, se realizaron las pruebas de PCR; una vez verificada mediante electroforesis, se realizó un análisis teórico respecto a la morfología colonial y los posibles candidatos (géneros) que podían salir, se realizó el corte con enzima y con ayuda del análisis teórico se identificaron los géneros de las bacterias. Teniendo como resultados el género *Bacillus* en el cenote la pilita, *Clostridium* en el cenote azufrosa y *Staphylococcus* en el cenote el caracol. Concluimos que ya sea por contaminación o por efectos de convivencia con la salinidad u azufre existen estas bacterias y por lo tanto son tolerantes a los distintos cambios o concentraciones del medio ambiente que habitan.

AISLAMIENTO DE GENES DE TERPENO SINTASA DE ORÉGANO MEXICANO (*Lippia graveolens*) Y ANÁLISIS DE SU EXPRESIÓN EN RESPUESTA A LA INOCULACIÓN CON RIZOBACTERIAS

Olivares-Terrones, R.A., Rodríguez-Sahagún, A., Castellanos-Hernández, O.A.,
Aarland, R.C., Acevedo-Hernández, G.J.*

Laboratorio de Biología Molecular Vegetal, Centro Universitario de la Ciénega,
Universidad de Guadalajara. Av. Universidad 1115 Col. Linda Vista, Ocotlán 47820,
Jalisco. Correo-e: gustavo.acevedo@academicos.udg.mx

Además de su uso extendido como condimento, el orégano mexicano ha sido empleado en la medicina tradicional para aliviar una gran cantidad de padecimientos, y su aceite esencial es ampliamente utilizado por las industrias farmacéutica y cosmética. La mayoría de sus propiedades se deben a la alta concentración de terpenos en dicho aceite esencial, principalmente de los monoterpenos timol y carvacrol. Los terpenos son sintetizados por una familia de enzimas llamadas terpeno sintasas, ampliamente estudiadas por la gran diversidad de compuestos que generan. En algunas plantas se ha observado que la inoculación con rizobacterias estimula la acumulación de terpenos asociados con la respuesta al estrés, y en ciertos casos se ha demostrado un incremento de la transcripción de genes de terpeno sintasa en respuesta a esta inoculación. Debido a la falta de información sobre la síntesis de terpenos en orégano mexicano, el propósito de este trabajo fue la obtención de secuencias correspondientes a genes de terpeno sintasa en esta planta y evaluar el efecto de la inoculación con rizobacterias nativas sobre su expresión a nivel transcripcional. A partir de cDNA, se lograron amplificar y clonar dos fragmentos empleando iniciadores degenerados diseñados sobre regiones conservadas. Al secuenciar estos fragmentos, se encontraron motivos funcionales característicos de enzimas terpeno sintasa, y un análisis filogenético permitió clasificarlas como parte de la familia TPSb (monoterpeno/isopreno sintasa). El análisis de expresión por qRT-PCR de estos dos genes putativos mostró una mayor expresión en hoja y tallo que en raíz. Se observaron cambios evidentes en la expresión de estos genes en respuesta a la inoculación con tres cepas de rizobacterias nativas, ya sea individualmente o en consorcio, pero no se observó una correlación de esta expresión a nivel transcripcional con la acumulación de terpenos. Es probable entonces que otras terpeno sintasas, cuyos genes no fueron identificados en este trabajo, sean las principales responsables de la acumulación de terpenos en esta planta, o que existan otros niveles de regulación con mayor relevancia que el transcripcional para la síntesis de terpenos.

DATOS MOLECULARES DE UNA POBLACIÓN EN MÉXICO DE *Lysimachia arvensis* (L.) U.Manns & Anderb. CON ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA Y ANTIMICROBIANA

Martínez-García, M.*¹, Molina González, M.G.², Santiago Santiago, M.³

¹Unidad de Biotecnología y Prototipos. ²laboratorio Colección de Bacterias ³Asignatura LIC II y LICV. Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM. Av. de los Barrios 1, Los Reyes Ixtacala, Tlalnepantla, Edo. México, C.P. 54090.
marmartinezgar@hotmail.com

Lysimachia arvensis (L.) U. Manns & Anderb. en México presenta estatus de exótica, pues tiene origen euroasiático, es una herbácea ruderal, con una corola pequeña de cinco pétalos de color salmón, de uso ornamental. Esta especie es apreciada en los lugares de distribución por los sistemas etnobotánicos, formando parte de su medicina tradicional. En localidades mediterráneas presenta usos diversos, e. g. como emplastos en piel lesionada, con limitaciones en su uso ya que puede ser tóxico en exceso. En América del sur se reportó que las saponinas hemolíticas le proporcionaban la actividad antifúngica. En nuestro país son escasos los estudios sobre actividades biológicas de esta especie; no se cuenta con datos moleculares que identifiquen a la especie y sirvan para ubicarla en estudios genéticos a nivel mundial, para estudios de conservación, ya que las poblaciones de *L. arvensis* en su distribución de origen se distinguen como amenazadas. Es importante conocer si a partir de poblaciones silvestres mexicanas se obtienen compuestos bioactivos. El objetivo de este trabajo fue i) Determinar molecularmente la especie y ii) Evaluar la actividad antifúngica y antimicrobiana de *L. arvensis*. El material biológico recolectado en Guanajuato, México se depositó en la colección Fanerogámica del Herbario, número 46193-IZTA. A partir del DNA genómico de la planta se realizaron PCR de punto final, usando cebadores para los marcadores moleculares *rbcL*, *trnL-trnF* y ITS2. Se analizaron las secuencias con BLAST del NCBI y el programa Genious prime. Para determinar las actividades contra *Candida albicans*, *Escherichia coli* y *Staphylococcus epidermidis*, por el método de Kirby-Bauer, se probaron cuatro concentraciones: 100, 150, 200 y 250 µg/extracto seco, por triplicado para cada cepa. Se analizaron las secuencias de *rbcL*, *trnL-trnF* e ITS con 1300, 760 y 565 pb, respectivamente, se confirma que los ejemplares estudiados corresponden a la especie *L. arvensis*. En *C. albicans* se formaron halos en todas las concentraciones, el mayor diámetro de 19.2 ± 1.1 mm correspondió a 250 µg/extracto seco. En las bacterias, solo se formaron halos en las concentraciones más altas. Para la concentración de 250 µg/extracto seco, en *E. coli* y *S. epidermidis*, los diámetros fueron de 8.5 ± 0.3 y 21.3 ± 0.4 respectivamente. Las poblaciones mexicanas de *L. arvensis* presentan actividades antifúngicas y antimicrobianas.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LEVADURAS NATIVAS AISLADAS DE LA FERMENTACIÓN ARTESANAL DEL DESTILADO DE AGAVE PARA LA ELABORACIÓN DE RAICILLA

Juárez-Aviña, M.¹, Palmeros-Suárez, P.A.², López Muraira, I.G.¹, Segura-Castruita, M.A.¹ Gómez-Leyva J.F.^{1*}

¹TecNM-Instituto Tecnológico de Tlajomulco. Laboratorio de Biología Molecular. Km 10 Carretera a San Miguel Cuyutlán, Tlajomulco de Zúñiga, Jal. C.P.45640

²Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias-CUCBA, Universidad de Guadalajara. Cam. Ramón Padilla Sánchez 2100, Las Agujas, 44600 Zapopan, Jal.

La raicilla es una bebida alcohólica artesanal mexicana con denominación de origen, con aroma y sabor característicos derivados del proceso de elaboración y fermentación del *Agave maximiliana* y *A. angustifolia* principalmente, producida en los estados de Jalisco y Nayarit mediante una serie de etapas que consisten en la jima de las piñas maduras de agave, la cocción de las mismas, el majado y la fermentación, en la cual se definen las características bioquímicas y organolépticas de dicha bebida y la destilación. Debido a que cada etapa de la elaboración de la raicilla se realiza de diferente manera según su lugar de origen, los utensilios empleados y el material de los mismos, el tipo de materia prima (especie de agave) y los microorganismos que realizan el proceso de fermentación, el presente trabajo tuvo como objetivo aislar las levaduras presentes en la etapa de fermentación para su identificación, caracterización y estimar su diversidad genética, respecto a las reportadas en fermentaciones de otros destilados de agave. Se obtuvieron muestras de fermento de raicilla (bagazo y jugo) de 6 tabernas de la Sierra Madre Occidental y la Costa Sur del estado de Jalisco, de donde se aislaron 30 levaduras. Se extrajo el DNA de las levaduras y posteriormente se amplificó la región ITS de DNA. La secuenciación de la región ITS del DNA permitió identificar tres géneros y cinco especies distintas de levaduras; *Saccharomyces cerevisiae*, *Saccharomyces pastorianus*, *Saccharomyces mikatae*, *Kluyveromyces marxianus* y *Pichia cecembensis*. Tres de las cinco levaduras encontradas difieren de las reportadas en las fermentaciones de otras bebidas mexicanas destiladas de agave. Se generó un dendrograma con la información de los marcadores moleculares del gen que codifica para la enzima citocromo C oxidasa que muestra la diversidad genética de las levaduras y que además permitió agruparlas de acuerdo con su género en tres grandes grupos. Con el trabajo realizado, podemos demostrar la diversidad de microorganismos que participan en el proceso de fermentación de esta bebida mexicana, así como la relación genética de los mismos con otros organismos que participan en este proceso para la elaboración de otro tipo de bebidas.

ASOCIACIÓN DE LA VARIANTE EN EL miR-27a rs895819 A>G Y EN EL miR-196a rs11614913 T>C CON LA ETAPA TNM Y LA LOCALIZACIÓN TUMORAL EN PACIENTES MEXICANOS CON CÁNCER COLORRECTAL

Tovar-Jácome, C.J.^{1,2}, Yzabal-Barbedillo, C.¹,
Trujillo-Fernández, Y.G.V.^{1,2}, Godínez-Rodríguez, M.Y.¹,
Gallegos-Arreola, M.P.¹, Rosales-Reynoso, M.A.^{1,*}

¹División de Medicina Molecular, Centro de Investigación Biomédica de Occidente (CIBO), Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS), Sierra Mojada 800, Col. Independencia, Guadalajara, Jalisco. ²Doctorado en Genética Humana, UDG. CUCS Sierra Mojada 950, Col. Independencia. Guadalajara, Jalisco.
*mareynoso@hotmail.com

El cáncer colorrectal (CCR) es el tercer cáncer más frecuente y segundo más mortal a nivel mundial; se caracteriza por involucrar múltiples factores genéticos y ambientales. Los miRNAs son un grupo de ARNs no codificantes (20-24pb), los cuales participan en la regulación postraduccional de la expresión génica de genes supresores de tumor, oncogenes y genes de reparación del ADN, los cuales se encuentran alterados en el CCR. Las variantes en los miRNAs (miR-27a rs895819 A>G, miR-196a rs11614913 T>C y miR-146a rs2910164 C>G), se han relacionado con la presencia y progresión del CCR en diferentes poblaciones, por lo es importante conocer si estas variantes se asocian en pacientes mexicanos con CCR. El objetivo del estudio fue determinar si existe asociación de las variantes en el miR-27a rs895819 A>G, miR-196a rs11614913 T>G y miR-146a rs2910164 C>G con el desarrollo de cáncer colorrectal en pacientes mexicanos y su relación con las características demográficas, clínicas y anatomopatológicas. El estudio incluyó 369 muestras de ADN genómico las cuales correspondieron a 183 pacientes con CCR esporádico y 186 individuos sanos. La identificación de los genotipos se realizó mediante PCR-RFLPs. Se estimaron las frecuencias alélicas y genotípicas. El análisis de asociación se realizó mediante la prueba de Odds Ratio. Los resultados muestran que la variante (rs2910164 C<G) en el miR-146a no se encuentra asociada con el CCR ($p>0.05$). Por otro lado, para la variante rs895819 A>G en el miR-27a, se encontró asociación marginalmente significativa en los pacientes con CCR con la presencia del genotipo A/G OR=1.57 (1.02-2.43; $p=0.054$), con las etapas TNM tempranas (I+II) OR= 2.31 (1.22-4.40; $p= 0.014$) y con la localización tumoral en colon OR=1.91 (1.13-3.23; $p=0.021$). Para la variante en el miR-196a (rs2910164 T>C) se encontró asociación con las etapas TNM avanzadas OR=2.82 (1.16-6.82; $p=0.033$) en los pacientes con CCR con la presencia del genotipo T/C. Las variantes analizadas (miR-27a rs895819 A>G y miR-196a rs11614913 T>G) en los pacientes mexicanos con CCR, pueden ser útiles como marcadores de pronóstico en el CCR.

NO ASOCIACIÓN DE LA VARIANTE RS4655646 G >A EN EL MICROARN-3117 CON EL DESARROLLO DE CÁNCER COLORRECTAL

Rodríguez-Torres, D.E., Pérez-Bojorquez, P.J., Trujillo-Fernández, Y.G.V., Godínez-Rodríguez, M.Y., Gallegos-Arreola, M.P., Rosales-Reynoso, M.A.*

División de Medicina Molecular, Centro de Investigación Biomédica de Occidente (CIBO), Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS), Sierra Mojada 800, Col. Independencia, Guadalajara, Jalisco. *mareynoso@hotmail.com

El cáncer colorrectal (CCR) es la tercera neoplasia maligna más comúnmente diagnosticada y la segunda causa de muerte a nivel mundial. Se ha descrito que el CCR surge como consecuencia de alteraciones epigenéticas y mutaciones somáticas que se asocian a factores ambientales. Los microARN (miRNAs) son ARN's no codificantes con una longitud de 21-25 nucleótidos, los cuales median procesos postranscripcionales afectando la estabilidad de ARNs mensajeros diana. Las variantes genéticas en los miRNAs alteran la participación de la expresión génica de genes supresores de tumores y oncogenes, ocasionando que estos se encuentren en aumento o regulados a la baja, contribuyendo con la inflamación, apoptosis y la diferenciación celular en el cáncer. Actualmente diversos estudios han asociado la presencia de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) en el miRNA-3117 con el desarrollo de cáncer de mama y leucemia linfoblástica, demostrando su papel en procesos tumorales y su viabilidad como biomarcadores de riesgo en las poblaciones analizadas; sin embargo, en pacientes mexicanos con CCR no se buscó su asociación. El objetivo del presente estudio fue conocer las frecuencias alélicas y genotípicas de la variante rs4655646 G >A del microARN-3117 y su asociación con las características demográficas y clinicopatológicas en pacientes mexicanos con cáncer colorrectal. Para ello se analizaron en total 320 muestras de ADN genómico correspondientes a 149 pacientes con CCR y 171 individuos sanos. La identificación de los genotipos se realizó por medio de las técnicas PCR-RFLPS. Se estimaron las frecuencias alélicas y genotípicas para la variante rs4655646 en el grupo de individuos sanos para establecer el equilibrio de Hardy-Weinberg. El análisis de asociación se realizó mediante la prueba de Odds Ratio, tomando como significancia un valor de $p < 0.05$. Los resultados del análisis de asociación para la variante rs4655646 G >A en el miR-3117 con las variables demográficas y las características anatomopatológicas de los pacientes con CCR demuestran que no existe ninguna diferencia significativa entre el grupo de casos y controles ($P > 0.05$). En conclusión, los resultados indican que la variante rs4655646 G >A en el miR-3117 no se encuentra asociada en los pacientes mexicanos con cáncer colorrectal.

REGULATION NETWORKS OF lncRNA/circRNA-miRNA-mRNA IN LUNG CANCER

Salinas-Vera, Y.M.¹, Prado-García, H.², Romero-García, S.³, López-Camarillo, C.¹,
Nuñez-Olvera, I.¹, Conteras-Sanzón, E.¹, Ruiz, V., Aquino-Gálvez, A.⁴,
Carlos-Reyes, A.^{2*}

¹Posgrado en Ciencias Genómicas, Universidad Autónoma de la Ciudad de México, Mexico City, Mexico. ²Laboratorio de Onco-Inmunobiología, Departamento de Enfermedades Crónico-Degenerativas, Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias, Mexico City, Mexico. ³Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de México, Mexico City, Mexico. ⁴Laboratorio de Biología Molecular, Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias, Mexico City, Mexico.

*reyes_cardoso@yahoo.com

Small cell lung cancer (SCLC) is a highly aggressive subtype of lung cancer because it is highly invasive, develops early metastasis and has a poor response to therapy. Experimental evidence shows that epigenetic regulators such as long non-coding RNAs (lncRNA), circular RNA (circRNA) and microRNA (miRNA) act as tumor suppressors/oncogenes and regulate cancer hallmarks. Both lncRNAs and circRNAs compete for miRNAs to modulate mRNA expression. However, the regulatory interaction networks among lncRNA-circRNA-miRNA-mRNA in SCLC remain unclear, as well as the specific regulatory mechanisms. We realized RNA total extraction from tumor biopsies of five SCLC patients to obtain the expression profile of miRNAs by TaqMan low-density array (TLDA). Then, we performed *in-silico* analysis of miRNAs to characterize the possible function of miRNAs. From the expression profile of miRNAs, we performed bioinformatic analyzes to obtain regulatory interaction networks among circRNA/lncRNA-miRNA-mRNAs through the use of bioinformatic tools: miRNet 2.0, Encori RNA Interactomes, circAtlas 2.0 and circBase, as well as KEGG pathway enrichment analysis. We obtained an expression profile differentially of miRNAs from SCLC tissues by means of TLDA. The *in-silico* analysis showed that miR-199a-3p, miR-138-5p, and miR-143-3p were downregulated and miR-301a-3p and miR-301b-3p were upregulated. These miRNAs regulate cancer hallmarks and were related to clinical-pathological parameters and therapy resistance. From these miRNAs, we generated regulatory networks to understand the interactions among lncRNA/circRNA-miRNA-mRNA that contribute to the development of lung cancer. As a result, we identified interaction networks among miR-199a-3p, miR-138-5p, miR-301a-3p, miR-143-3p, and miR-301b with lncRNAs: NEAT1, TUG1, MALAT1, H19- and HOTAIR. We found that miR-143-3, is a direct target of MALAT1, leading to increased ZEB1 expression, which promotes tumor progression. While miR-301b-3p was sponged by H19 to contribute to invasiveness through CDH1 overregulation. On the other hand, KEGG enrichment analysis of target genes, allowed predicting which signaling pathways were involved in lung cancer tumorigenesis. Some of these were mTOR, Jak-Stat, and Erbb, among others. Also, we observed deregulation of some pathways involved in the cell cycle, alterations in the actin cytoskeleton, and apoptosis resistance. Thus, our results suggest that the regulatory interaction networks among certain lncRNA/circRNA-miRNA-mRNA might contribute to SCLC development.

ASOCIACION DE LA VARIANTE rs7512692 C>T EN EL MICROARN 3117 CON EL DESARROLLO DE CANCER COLORRECTAL Y CON CARACTERISTICAS ANATOMOPATOLÓGICAS.

Pérez-Bojórquez, P.J., Rodríguez-Torres, D.E., Trujillo-Fernández, Y.G.V., Godínez-Rodríguez, M.Y., Gallegos-Arreola, M.P., Rosales-Reynoso, M.A.*

División de Medicina Molecular, Centro de Investigación Biomédica de Occidente (CIBO), Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS), Sierra Mojada 800, Col. Independencia, Guadalajara, Jalisco.

*mareynoso@hotmail.com

El cáncer colorrectal (CCR) a nivel mundial es la tercera causa de cáncer y la segunda en mortalidad. El CCR es causado por alteraciones genéticas, epigenéticas y multifactoriales. Se han encontrado microRNAs (miRNAs), los cuales son ARN no codificantes de secuencias cortas de nucleótidos que regulan procesos post-transcripcionales como la expresión de varios tipos de genes, entre ellos genes supresores de tumor y oncogenes. Recientemente, algunos estudios han asociado la presencia de variantes de un solo nucleótido (SNP) en el miRNA-3117 con el desarrollo de leucemia linfoblástica y cáncer de mama, demostrando su papel en procesos tumorales y su posible utilidad como biomarcadores de riesgo en las poblaciones analizadas; sin embargo, en pacientes mexicanos con CCR no se ha buscado su asociación. El objetivo del trabajo fue conocer las frecuencias alélicas y genotípicas de la variante rs7512692 C>T del miRNA-3117 y su asociación con las características demográficas y anatomopatológicas en pacientes mexicanos con cáncer colorrectal. Se analizaron 427 muestras, de las cuales correspondieron a 190 pacientes con cáncer colorrectal y 237 muestras de individuos sanos. La identificación de los genotipos se realizó mediante las técnicas de PCR-RFLP. Las frecuencias alélicas y genotípicas se estimaron mediante conteo directo y el análisis de asociación se realizó mediante la prueba de Odds Ratio tomando como significancia una $p < 0.05$. Los resultados muestran que la presencia del genotipo C/T en los pacientes con CCR incrementa el riesgo de desarrollar cáncer OR= 2.03 (1.35-3.06, $p=0.001$). Este mismo riesgo se observó en el modelo dominante de herencia (C/T + T/T vs. CC) OR= 1.80 (1.21-2.67, $p=0.004$). Por otro lado, se observó un riesgo incrementado en los pacientes en etapas TNM tempranas (TNM I+II) OR=2.72 (1.46-5.05, $p=0.001$) con presencia del genotipo C/T. Así mismo, se observó un riesgo incrementado en los pacientes con la presencia del genotipo C/T con localización tumoral en recto OR=2.15 (1.30-3.57, $p=0.003$). En conclusión, los resultados del análisis de la variante rs7512692 C>T en el miRNA- 3117 indican que el genotipo C/T podría ser utilizado como un marcador genético de riesgo en pacientes mexicanos con CCR.

RESULTADOS PRELIMINARES EN LA EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD QUIMIOTERAPÉUTICA DE BETA-SITOSTEROL EN UN MODELO DE OSTEOSARCOMA EN RATAS

Paniagua Pérez, R.^{1*}, Madrigal Bujaidar, E.², Álvarez González, I.², Cruz Hernández, L.¹, Araujo Monsalvo, V.M.³, Domínguez Hernández, V.M.³, Martínez Coria, E.⁴, Martínez Canseco, C.¹, Quintana Armenta, A.¹, Ruíz Rosano, L.¹, Luna Méndez, M.⁴, García Campillo, H.⁵, Pérez Gallaga, F.J.⁵, de la Fuente Sánchez, J.A.⁵, Núñez Gaona, M.A.³, Aguirre Meneses, H.³, Morales Acosta, L.³, Mejenes López, R.N.⁵, Franco y Bourland, R.E.¹

¹Servicio de Bioquímica, Instituto Nacional de Rehabilitación Luis Guillermo Ibarra Ibarra. ²Laboratorio de Genética-ENCB-IPN. ³Servicio de Biomecánica-INRLGII.

⁴Servicio de Tomografía Computarizada-INRLGII, ⁵Bioterio, INRLGII,

⁶Servicio de Patología, INRLGII

*rogelpp@yahoo.com

El osteosarcoma (OS) es un tumor maligno de hueso, constituye el 75% en pacientes jóvenes, afecta principalmente huesos de las extremidades inferiores. No existe ningún método eficaz para prevenir este tipo de cáncer y puede inducir la amputación. El beta-sitosterol (BS) es un compuesto vegetal. Estudios han demostrado propiedades biomédicas inmunomoduladoras, antimutagénicas, antiinflamatorias y antioxidantes. El benzopireno (BZP) es un hidrocarburo, capaz de inducir OS. Considerando estos antecedentes, se planteó este proyecto de investigación. Por lo que el objetivo fue determinar en un modelo de carcinogénesis ósea en ratas, la actividad quimioterapéutica de beta-sitosterol en el desarrollo del osteosarcoma. Se indujeron lesiones neoplásicas mediante la administración perifemoral de BZP. De la 7^a a la 9^a semana se administró por vía oral BS. Se registró el peso de las ratas, periódicamente se tomaron muestras sanguíneas para realizar estudios de genotoxicidad; se realizaron pruebas bioquímicas mediante para determinar velocidad de sedimentación (VSG), fosfatasa alcalina (FA) y deshidrogenasa láctica (DHL) y tomografía axial computarizada (TAC). Al cumplir la novena semana, se realizó eutanasia, se extrajeron los fémures, tibias, hígado y pulmones para su estudio histopatológico. Los resultados parciales en las ratas, evaluado por el estudio histopatológico demuestran la formación de OS en el fémur tratado. Así mismo el peso en ambas cepas, presentó una disminución estadísticamente significativa de la tercera a la 7^a semana, sin embargo, el peso comenzó a estabilizarse a partir de la 8^a semana. El BZP fue altamente genotóxico en ambas cepas de ratas. Las pruebas bioquímicas presentaron diferencias estadísticamente significativas a partir de la 3^a semana de tratamiento con BZP en los valores de la VSG, FA y DHL, en todas las ratas tratadas, sin embargo, a partir de la 8^a semana se observó una disminución de la FA y DHL en algunos animales administrados con BS. Se concluye que la administración de BZP contribuye a la inducción de OS en las ratas tratadas, y el BS puede ayudar a disminuir la actividad carcinogénica del BZP, lo que nos da la pauta para continuar con otros estudios que permitan considerar el uso del BS en personas con OS.

ASOCIACIÓN DE LAS VARIANTES RS187115 (T>C) DEL GEN *CD44* Y RS3130 (T>C) DEL GEN *CD133* CON LA RECURRENCIA EN PACIENTES CON CÁNCER COLORRECTAL

Trujillo-Fernández, Y.G.V., Tovar-Jacome, C.J., Godínez-Rodríguez, M.Y.,
Yzabal-Barbedillo, C., Gallegos Arreola, M.P., Rosales-Reynoso, M.A.*

División de Medicina Molecular, Centro de Investigación Biomédica de Occidente (CIBO), Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS), Sierra Mojada 800, Col. Independencia, Guadalajara, Jalisco. Doctorado en Genética Humana. Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara. Dirección: Sierra Mojada #950. Col. Independencia Guadalajara, Jalisco.
correo: mareynoso@hotmail.com , monica.rosales@imss.gob.mx.

El cáncer colorrectal (CCR) ocupa el tercer lugar entre los de mayor incidencia y es la segunda causa de muerte por cáncer a nivel mundial. Es una enfermedad heterogénea ocasionada por eventos genéticos, epigenéticos y ambientales. Uno de los principales problemas que enfrentan estos pacientes es la recurrencia, aproximadamente 10-25% de ellos presentan recurrencia en un periodo de tres a cinco años de acuerdo a la etapa tumoral. Existen variantes genéticas que se han asociado con el riesgo de desarrollar recurrencia en diferentes neoplasias; entre ellas, la variante rs187115 (T>C) del gen *CD44* y rs3130 (T>C) del gen *CD133*. El objetivo de este trabajo fue determinar si existe asociación de las variantes rs187115 (T>C) del gen *CD44* y rs3130 (T>C) del gen *CD133*, con la recurrencia en pacientes mexicanos con cáncer colorrectal; así como analizar las características demográficas, clínicas y anatomopatológicas de los pacientes. Se incluyeron 270 pacientes con CCR, de los cuales, 54 corresponden a pacientes con CCR recurrente y 216 con CCR sin recurrencia. La identificación de los genotipos se realizó mediante la técnica de PCR-RFLPs. Las frecuencias alélicas y genotípicas se estimaron mediante conteo directo y el análisis de asociación se realizó mediante la prueba de Odds Ratio tomando como significancia una $p < 0.05$. Los resultados muestran asociación en los pacientes con CCR recurrente con el modelo dominante de herencia (genotipos T/C + CC vs T/T), mostrando un OR= 2.16 (1.09-4.28, P=0.035). Se observó que la presencia del genotipo heterocigoto T/C de esta misma variante rs187115 en los pacientes con CCR recurrente mostró ser un factor de riesgo para las etapas tempranas (TNM I+II) con un OR=8.82 (1.06-73.03; P=0.04). Con respecto a la variante rs3130 T>C del gen *CD133* solo se observó una diferencia significativa en los pacientes con CCR recurrente con localización tumoral a recto OR=5.33 (1.14-24.77) P=0.04. El análisis de las variantes rs187115 T>C de *CD44* y rs3130 T>C de *CD133* podrían ser utilizados como marcadores genéticos de riesgo en pacientes mexicanos con CCR recurrente.

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE *Bacopa monnieri* (L.) Wettst. SILVESTRE DE MÉXICO, MEDIANTE EL USO DE LA REGIÓN CLOROPLÁSTICA *trnL-F*

Martínez-García, M.¹, Garduño Solórzano, G.², Campos, J.E.¹, Monsalvo-Reyes, A.C.¹,
Scotta Hentschke, G.³, Azevedo Silva, A.R.³, Vasconcelos V.M.³

¹Unidad de Biotecnología y Prototipos, ² Herbario Izta, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM. Av. de los Barrios 1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, Edo. México, C.P. 54090. ³.CIIMAR Interdisciplinary Centre of Marine and Environmental Research, Novo Edifício do Terminal de Cruzeiros do Porto de Leixões, Avenida General Norton de Matos, S/N, 4450-208, Matosinhos, Portugal. marmartinezgar@hotmail.com

La biodiversidad del género *Bacopa s.l.* en México está representado por *B. lacertosa*, *B. repens*, *B. rotundifolia*, *B. salzmännii*, *B. sessiliflora*, *B. valerioi* and *B. monnieri*, esta última con registros en 27 estados. Los estudios sobre estas especies son escasos, El intrón del grupo I *trnL* y el espaciador intergénico no codificante entre *trnL* y *trnF*, se encuentran entre las regiones del DNA más utilizadas en la taxonomía y sistemática vegetal y propuestas por el grupo de código de barras para la vida (CBOL). Con el análisis de las secuencias de estos marcadores, se valida taxonómicamente a plantas con valor comercial, como *B. monnieri*. Esta especie está incluida en la medicina ayurveda y la farmacopea en varios países, sin embargo, pese a su importancia comercial a nivel mundial, en México no está incluida en la medicina tradicional. El objetivo de este trabajo fue determinar la posición filogenética de *B. monnieri* silvestre de México dentro del género *Bacopa s.l.* (Plantaginaceae) mediante el uso de las regiones intergénicas *trnL-F*. Se extrajo DNA genómico de plantas recolectadas en Hidalgo (BH), Puebla (BX), Jalisco, Chapala (BJ) y Zapopan (BZ), Guanajuato (BG), Quintana Roo (BQ), Veracruz (BV) y externo a la región, de material de las Antillas (BC). Las secuencias se revisaron usando el BLAST del NCBI. Se construyeron dos árboles filogenéticos con el software Geneious prime, usando el programa MrBayes, con el modelo evolutivo GTR gamma con 100000 réplicas. Para el primer árbol se incluyeron 31 secuencias con un tamaño de 469 pb, todas pertenecientes a diferentes especies de las Lamiales, cuatro a la tribu Gratiola, 16 secuencias al género *Bacopa s.l.* dos de las cuales se reportan para México, 11 de *B. monnieri*, incluidas las mexicanas. El segundo árbol se construyó con el alineamiento de secuencias de 933 pb., en este caso, se incluyeron las Lamiales, *B. floribunda*, y *B. monnieri*. En ambos análisis, *B. monnieri* conforma un clado separado del resto de *Bacopa s.l.* Se confirma que esta región *trnL-F*, sirve para distinguir a las especies *B. monnieri* de otras del género, importante por su valor evolutivo, ecológico y comercial.

MARCADORES HEMOSTÁTICOS Y POLIMORFISMOS EN TRES FAMILIAS MEXICANAS CON ENFERMEDAD DE LEGG-CALVÉ-PERTHES

Rodríguez Olivas, A.O.^{1,2}, Hernández-Zamora, E.^{2*}, Casas-Ávila, L.², Rosales-Cruz, E.¹,
Zavala-Hernández, C.³, Morales-Osorio, M.G.⁴, Meneses-Peñaloza, A.⁴,
Redón Tavera, A.^{5†}, Valdés Flores, M.^{2†}, Reyes-Maldonado, E.¹

¹Departamento Morfología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional. ²Medicina genómica, ³Laboratorio Central de Patología Clínica, ⁴Malformaciones congénitas y ⁵Clínica de cadera pediátrica, Instituto Nacional de Rehabilitación (INR). Ciudad de México, México. † q.e.p.d. * edgarhz1969@yahoo.com.mx

La Enfermedad de Legg-Calvé-Perthes (ELCP) una enfermedad rara, por su baja incidencia (0.2 a 19.9 casos por 100,000 habitantes) y etiología desconocida. Es una osteonecrosis avascular provocada por alteraciones en la circulación, con interrupción efectiva en el suministro de sangre, uni o bilateral, en la cabeza femoral; con colapso epifisario, deformidad, riesgo de coxartrosis temprana y limitación en el rango de movimiento de la cadera. Afecta a niños de 4-10 años (4/1 niños/niñas) que refieren dolor en la extremidad afectada, durante y después de la actividad física, así como marcha claudicante. A pesar de los avances científicos, su etiología no es clara. Existe una gran controversia en la posible relación entre oclusiones vasculares sucesivas, estados hipercoagulables (trombofilia), trastornos inflamatorios hereditarios, alteraciones en colágena y factores ambientales, implicados en la aparición y progreso de la ELCP. Nuestro objetivo fue describir factores de riesgo ambientales, marcadores bioquímicos hemostáticos, polimorfismos proinflamatorios y trombóticos, que podrían estar relacionados con la etiología de la enfermedad, en tres familias mexicanas con varios integrantes con ELCP. Realizamos un estudio descriptivo, de casos y controles, se incluyeron siete pacientes y 14 controles sanos. Se tomó muestra de sangre, se realizó biometría hemática, factores de coagulación y análisis del plasma, en un analizador de coagulación. Se extrajo DNA y se determinaron, con sondas TaqMan y qPCR, algunos polimorfismos proinflamatorios y trombóticos. Encontramos que todos los pacientes presentaron exposición al humo de tabaco. En los pacientes encontramos dos casos bilaterales, arcos vencidos y algunos practicaron deportes de alto impacto. Los marcadores hemostáticos: hemoglobina, fibrinógeno, homocisteína y la actividad de los factores VIII y IX, mostraron diferencias estadísticamente significativas ($p \leq 0.05$) en los pacientes. Todos los pacientes tienen al menos un alelo mutado para los polimorfismos MTFHR (rs1801133) e IL-23R (rs1569922), y existen casos aislados con otras variantes genéticas. En conclusión, este es el primer estudio de investigación en México de ELCP, en el que encontramos desórdenes hemostáticos, polimorfismos proinflamatorios y trombóticos, así como factores ambientales presentes en los casos familiares. Los cuales sugieren un panorama multifactorial, con diversos factores implicados en la etiología y el desarrollo de la ELCP.

GENÉTICA DE LA MOSCA DE LA FRUTA MEXICANA *Anastrepha ludens* (DIPTERA: TEPHRITIDAE): MAPA GENÉTICO DEL CROMOSOMA 2

García Martínez, V., Cárdenas Enriquez, D.P., Ibañez Palacios, J.,
Meza Hernández J.S.*

Programa Operativo Moscas. Departamento de Genética, Metapa de Dominguez,
Chiapas. México. jose.meza.i@senasica.gob.mx

La mosca mexicana de la fruta *Anastrepha ludens* es considerada una de las plagas de mayor impacto económico en México debido a las pérdidas económicas directa e indirectas que ocasiona a la industria frutícola nacional. Esta plaga se combate a través de un manejo integrado, donde el principal componente de este manejo es la Técnica de Insectos Estériles (TIE), una técnica exitosa y amigable con el ambiente, para realzar su eficiencia se han desarrollado cepas con sexado genético (CSG) que permiten la liberación exclusiva de machos, lo que implica amplio conocimiento genético de la especie. Si bien para el caso de *A. ludens*, ya se han desarrollado CSG como la Tapachula-7 y la Tapachula/slow-7, la información genética aún es muy limitada. Desde la construcción de la CSG Tapachula-7, se han aislado 23 mutaciones distintas, cinco de las cuales se localizan en el cromosoma 2, involucrado en la translocación genética que porta esta CSG (*red body*, *purple iridiscence*, *slow larvae*, *black pupae* y *singed*). En el presente trabajo, se pretende conocer las relaciones de ligamiento y las distancias de mapa entre estos cinco marcadores. Para determinar la distancia genética entre cada uno de estos marcadores, insectos heterocigotos en fase de repulsión se cruzaron recíprocamente con insectos doblemente mutantes correspondientes a cada uno de los cruces, una vez obtenida la descendencia, se registró cada uno de los fenotipos y se calculó la frecuencia de recombinación. Como resultado, se obtuvo el primer mapa genético del cromosoma 2 de *A. ludens* con el siguiente arreglo lineal de genes: *purple iridiscence* (0.49 cM) *slow larvae* (0,32 cM) *red body* (0,09 cM) *singed* (0,19 cM) *black pupae*. De acuerdo con las distancias calculadas, se puede observar un grupo muy cercano de genes formados por *bp*, *sn*, *rb* y *sl*; y otro grupo formado por *pi* debido a la mayor distancia que tiene con el primer grupo. Es importante seguir investigando la genética de esta especie, por lo que nuevas mutaciones en este cromosoma dará más herramientas para disponer de un sistema de sexado genético que facilite su manejo, más económico y eficaz contra la plaga.

LAS PROTEÍNAS MBF1 DE JITOMATE: INICIANDO SU CARACTERIZACIÓN

Rosiles Ortega, A.F.¹, Abraham Juárez, M.J.^{2*}, Jaimes Miranda, F.^{1**}

¹Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica (IPICYT), Cam. a la Presa de San José 2055, Lomas 4ta Sección 78216 San Luis, S.L.P.

**fabiola.jaimes@ipicyt.edu.mx

²Unidad de Genómica Avanzada, Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (UGA-LANGEBIO), Libramiento Norte carretera León Km 9.6, Irapuato, Gto. *jazmin.abraham@cinvestav.mx

La familia de proteínas Multiprotein bridging factor 1 (MBF1) son cofactores de transcripción que forman un puente entre factores de transcripción y la maquinaria basal de transcripción en eucariotas. En plantas, esta familia está relacionada con el desarrollo y la respuesta a distintos tipos de estrés. Las MBF1 se han estudiado a nivel de la expresión de sus transcritos, pero existe poca información sobre las proteínas correspondientes. En este trabajo obtuvimos anticuerpos específicos para las proteínas MBF1a y MBF1/ER24 de jitomate, que se usarán en la identificación de los complejos proteicos que forman estas proteínas en jitomate. Además, a partir de subredes inferidas de coexpresión de MBF1a y MBF1/ER24 identificamos posibles interacciones proteína-proteína que probamos experimentalmente por la técnica de complementación de fluorescencia bimolecular. Finalmente, se determinó mediante microscopía de fluorescencia la localización subcelular de MBF1a y MBF1/ER24. Este trabajo es el inicio para la caracterización de estos cofactores a nivel de proteína y de los complejos que forman las MBF1 en jitomate.

EFFECTOS DE APTITUD COMBINATORIA Y HETEROSIS EN (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*) PARA TOLERANCIA A *Phytophthora infestans*

Cornejo Rivera, A.¹, Rodríguez Guzmán, E.*¹, Ángeles Espino, A.¹,
Rodríguez Pérez, J.E.²

¹Departamento de Producción Agrícola, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara. Camino Ing. Ramón Padilla Sánchez 2100, Las Agujas, 44600 Zapopan, Jal.

²Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo, Km. 38.5 Carretera México – Texcoco Chapingo, Texcoco, Estado de México CP 56230

* eduardo.rguzman@academicos.udg.mx

Con el objetivo de identificar caracteres de interés agronómico, se evaluaron mediante una caracterización morfológica seis poblaciones de tomate silvestre (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*) para promover aquellas que expresan expectativas promisorias para futuros programas de mejoramiento genético de tomate. Las poblaciones se establecieron bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. Se recogió la información de 19 caracteres relacionados a la planta, fruto, fenología y rendimiento. Se obtuvieron análisis de varianza y comparación de medias de Tukey. Se detectaron diferencias entre las poblaciones evaluadas, estas diferencias fueron importantes en los caracteres relacionados a la precocidad, número de flores, longitud entre racimos florales, número de racimos, longitud entre nudos foliares, peso promedio de fruto y sólidos solubles. Programas de mejoramiento genético en tomate para la búsqueda de resistencia a *Phytophthora infestans* han integrado el uso de poblaciones silvestres como una fuente de genes para introducir resistencia a los híbridos comerciales, por lo que deviene la importancia de seleccionar poblaciones resistentes con capacidad de transmitir resistencia. Con el objetivo de estimar aptitud combinatoria y heterosis para tolerancia a *P. infestans*, se implementó el uso de 4 poblaciones de tomate silvestre mexicano (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*) y una accesión de un pariente silvestre de tomate (*Solanum pimpinellifolium*), adicional al uso de 3 híbridos comerciales, como progenitores para la formación de 28 híbridos poblacionales, mediante el uso de un programa de cruzamiento a través del diseño dialélico bajo el Método II de Griffing. Los híbridos y sus progenitores fueron sometidos a infecciones naturales bajo condiciones de campo y evaluados bajo un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones. Se midió el área bajo la curva del progreso de la enfermedad (AUDPC) semanalmente. La información recabada permitió estimar la aptitud combinatoria general (ACG) de los progenitores, y la aptitud combinatoria específica (ACE) así mismo las heterosis de los híbridos.

ANÁLISIS DE LA MICORRIZACIÓN Y GENES INVOLUCRADOS EN EL FLUJO DE C, N Y P EN PLANTAS DE JITOMATE (*SOLANUM LYCOPERSICUM* L).

Verduzco-Moreno, F.J.¹, Zañudo Hernández, J.¹, Mendez-Morán, L.¹, Délano-Frier, J.P.², Plancarte de la Torre, M.M.³, Casarrubias-Castillo, K. *¹

¹Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Laboratorio de Ecología Fitoquímica y Molecular, Departamento de Ecología, Universidad de Guadalajara.

²Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN, Laboratorio de Fisiología Vegetal, Departamento de Biotecnología y Bioquímica. ³Instituto Tecnológico de Estudios Superiores de Monterrey Campus Guadalajara. Departamento de Bioingeniería.

Las micorrizas arbusculares son asociaciones mutualistas formadas entre algunas especies de hongos del phylum *Glomeromycota* y las raíces de casi el 80% de las plantas terrestres, principalmente angiospermas. El establecimiento exitoso de la interacción mutualista mejora el estatus nutricional de ambos organismos: mientras que el hongo recibe carbohidratos por parte de su hospedero, la planta se beneficia con la asociación al incrementar la absorción de nutrientes y minerales del suelo, además de potenciar la resistencia al estrés hídrico y a patógenos por parte de la planta. El uso de genes marcadores que indica dicha interacción entre la planta con la micorriza se encuentra limitada al transportador de fosfatos 4 y no para carbono y nitrógeno, en este trabajo se estudiaron genes que codifican para proteínas implicadas en el transporte de nutrientes, específicamente en carbono y nitrógeno y otros adicionales de fósforo para comprobar su inducción durante la interacción del hongo con la planta. Se colonizaron plantas de jitomate con una mezcla de hongos micorrízicos arbusculares indicando que la colonización se llevó a cabo con éxito, encontrando arbusculos, vesículas e hifas en raíces micorrizadas. Se diseñaron oligonucleótidos específicos para un grupo de genes transportadores de Fósforo, Carbono y Nitrógeno, los cuales se utilizaron para realizar ensayos de expresión en raíces comparando las plantas micorrizadas y no micorrizadas observándose cambios en la expresión de los genes *LeSUS3* y *LeNR*.

IDENTIDAD MOLECULAR DE UN MAÍZ PALOMERO ANCESTRAL, DETECTADA MEDIANTE REPETICIONES DE SECUENCIAS INTER-SIMPLE

Lara Echavarría, M.A., Torres Morán, M.I.* , De la Cruz Larios, L.

Departamento de Producción Agrícola. Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, Zapopan, Jalisco, CP 45110, México.
*monica.lara7645@alumnos.udg.mx

El maíz palomero es uno de los tipos de maíz que actualmente se consume de manera significativa en el mundo. En México, su potencial comercial ha sido poco valorado y no se ha tomado en cuenta en programas de mejoramiento genético que conlleve a la producción de variedades comerciales que se adapten a los diferentes climas de nuestro país. En el presente estudio, se tiene como objetivo principal tratar de encontrar la relación que existe entre una muestra descubierta en una tumba de tiro con muestras pertenecientes a distintos estados de la república mexicana. Se analizaron 17 accesiones de maíz palomero provenientes de diferentes partes de la república, dos accesiones de Carolina del Norte y el maíz identificado como ancestral de los cuales se obtuvo el DNA mediante el protocolo de extracción CTAB. Posterior a la extracción, se realizaron PCRs en donde se emplearon 5 primers para el marcador molecular ISSR (Inter Simple Sequence Repeats). Los productos de las amplificaciones se separaron en geles de agarosa de alta resolución, los cuales fueron teñidos con bromuro de etidio. Por medio de los resultados que brindó el marcador ISSR fue posible calcular el nivel de polimorfismo, el contenido de información polimórfica (PIC), la heterocigosidad promedio (Hav), el índice de similitud de Jaccard. Adicionalmente a esto, se efectuó el análisis de agrupamiento por el método de Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages (UPGMA por sus siglas en inglés). Tanto el índice de similitud y el análisis de agrupamiento se obtuvieron mediante el programa NTSYSpc versión 2.2. Los resultados asociaron las muestras ancestrales con la muestra Glass Gem proveniente del estado de Chihuahua, además de mostrar alta variabilidad genética entre y dentro de las muestras.

EFECTO DIFERENCIAL DE LOS HIDROCARBUROS AROMÁTICOS POLICÍCLICOS BENZO[a]PIRENO Y BENZO[a]ANTRACENO SOBRE LA LÍNEA DE CÉLULAS CEBADAS HUMANAS HMC-1

Flores-Márquez, A.R.¹, Garay-Canales, C.A.², Morales-Montor, J.²,
Cazares Martínez, C.¹, Gómez-Arroyo, S.¹, Nava-Castro, K.E.^{1*}

¹Grupo de Biología y Química Atmosféricas, Departamento de Ciencias Ambientales. Instituto de Ciencias de la Atmósfera y Cambio Climático. UNAM. CDMX, México.

²Departamento de Inmunología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM, CDMX, México. karlenc@atmosfera.unam.mx

Los hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAP) son compuestos orgánicos que están contenidos en el aerosol atmosférico, siendo importantes porque tienen propiedades mutagénicas, genotóxicas y se han asociado con una mayor incidencia de cáncer de mama. El benzo[a]pireno interrumpe la transcripción del gen BRCA-1 en células de cáncer de mama positivas, pero no negativas del receptor de estrógeno (ER), correlacionándose con una interrupción del ciclo celular y acumulación de p53. La capacidad de unirse a estos receptores sugiere que logran regular la actividad de células inmunitarias. Este estudio se enfoca en los mastocitos, ya que se han descrito en las zonas peritumoral o intratumoral de diferentes cánceres humanos y que pueden tener función pro-tumoral o anti-tumoral, dependiendo del perfil de factores solubles que secreten. Investigaciones previas han demostrado que los mastocitos expresan receptores hormonales que regulan su función; por lo que el objetivo de este trabajo es determinar el efecto del benzo[a]pireno (BaP) y el benzo[a]antraceno (BaA) en la función de células cebadas humanas (HMC-1). La línea celular fue tratada con cada uno de los HAP a las concentraciones 20, 40, 60 y 80 μM , durante una hora. Se determinó tanto apoptosis como cambios en la expresión de receptores de estrógenos (ER alfa y beta), de andrógenos (AR) y de hidrocarburos de arilo (AhR) mediante citometría de flujo, mientras que el daño al DNA se evaluó por ensayo cometa. Los resultados obtenidos hasta ahora muestran que existe efecto diferencial de los HAP en la inducción de apoptosis de las células HMC-1: el BaA provoca apoptosis a partir de la concentración 40 μM , el BaP no causa este efecto. En lo referente a la respuesta genotóxica, ambos hidrocarburos inducen daño, pero es mayor el ocasionado por el BaP. Con respecto a la expresión de los receptores se observó que el BaP, pero no el BaA, modula la expresión de ERbeta y de AR, disminuyendo la del primero y aumentando la del segundo. De lo mencionado anteriormente se puede concluir que los hidrocarburos empleados tienen efecto en las células HMC-1.

EFFECTO DEL TRICLORURO DE VANADIO SOBRE LOS NIVELES DE EXPRESIÓN DE LAS PROTEÍNAS P21 Y P53 EN LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS *IN VITRO*

García-Sosa, B.A., Álvarez-Barrera, L., Rodríguez-Mercado, J.J., Mateos-Nava, R.A.*

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental, UMIEZ, Laboratorio 5 primer piso. Facultad de Estudios Superiores-Zaragoza, Campus II, UNAM. CP 09230, CDMX. México.

rodrigo.mateos@zaragoza.unam.mx

El vanadio es un metal que se encuentra presente en la naturaleza y las actividades humanas han incrementado sus cantidades en el medio ambiente. Los seres vivos están expuestos a él por la ingesta de alimentos, el aire que respira y la absorción dérmica, lo que puede llevar al desarrollo de enfermedades crónico-degenerativas. Estudios *in vitro* e *in vivo*, muestran que el vanadio interactúa con las diferentes moléculas biológicas e induce efectos genotóxicos y citotóxicos. En el laboratorio, en trabajos con linfocitos humanos *in vitro*, se ha observado que los óxidos de vanadio afectan los niveles de expresión de las proteínas involucradas en el control del ciclo celular. Con respecto al tricloruro de vanadio (VCl_3) se tiene poca información relacionada con su toxicidad a nivel celular, por lo que en este estudio se evaluó el efecto del VCl_3 sobre los niveles de expresión de las proteínas p53 y p21 en cultivos de linfocitos humanos. Los cultivos fueron expuestos durante 24 y 48 h a concentraciones de 2, 4, 8 o 16 $\mu g/mL$ de VCl_3 . Después de los tratamientos se determinó la viabilidad celular con colorantes fluorescentes y el contenido de ADN por citometría de flujo. Al mismo tiempo se analizaron los niveles de expresión de las proteínas p53 y p21 con la técnica de "Wester blot". La administración de VCl_3 no modificó la viabilidad y a diferencia de los óxidos de vanadio el VCl_3 no retrasa el ciclo en alguna fase en específico. Con relación a las proteínas, p21 incrementó en los tratamientos de 4 y 16 $\mu g/mL$ a las 24 h, mientras p53 en 8 $\mu g/mL$ a las 48 h. Es posible que el VCl_3 esté afectando otra vía en la cual p21 participa y no en el bloqueo de la progresión del ciclo celular. Trabajo realizado con el apoyo del proyecto DGAPA-UNAM PAPIIT IN229220.

DAÑO GENOTÓXICO INDUCIDO EN *Vicia faba* POR AGUA Y SEDIMENTOS DE SAN LUIS ATLANGATEPEC, TLAXCALA

Rugiero-García, C.R.¹, Sánchez-Alarcón, J.², Pérez-Flores, G.², Valencia-Quintana, R.^{2*}

¹Licenciatura en Biología. ²Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223, Red Temática de Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P.90120.

*prvq2004@yahoo.com.mx

Las actividades antropogénicas son fuentes de sustancias tóxicas. La incorporación de éstas a las matrices ambientales provoca su contaminación, lo que se ha convertido en un problema crucial que afecta la vida en la Tierra. Recientemente se ha demostrado que los niveles de contaminación afectan diferentes procesos en los sistemas vegetales, incluyendo su material hereditario. El agua y sedimentos de la presa de Atlangatepec, Tlaxcala en la comunidad de San Luis, se encuentran potencialmente contaminados debido a que se descargan aguas negras provenientes del municipio de Tlaxco y zonas aledañas, que se suman al impacto causado por el cambio del uso del suelo hacia actividades agrícolas y pecuarias, por lo que es importante evaluar la presencia de agentes genotóxicos en este cuerpo de agua con importancia ecológica para la región. Para ello, se utilizó la prueba de electroforesis unicelular alcalina o ensayo cometa (SCGE) en células de la raíz de *Vicia faba*. Se tomaron muestras de agua y sedimentos del sitio, exponiendo raíces de entre 3-5 cm a éstas durante 2 horas. Como testigo negativo se utilizó agua destilada y como testigo positivo dicromato de potasio (0.05%), bajo las mismas condiciones experimentales (20°C en oscuridad total). Se realizaron cortes en las raíces para extraer los núcleos, los cuales se colocaron entre dos capas de agarosa de bajo punto de fusión, después de lo cual se sometieron a una solución de lisis pH=10 durante 60 minutos a 40°C, terminado el tiempo, se colocaron en buffer de electroforesis pH=13 y se corrió la electroforesis por 20 min a 300 mA y 25 Volts. Se tiñeron con bromuro de etidio y se analizaron los núcleos con el software Comet Assay IV, en un microscopio de fluorescencia, determinando la longitud e intensidad de la cabeza y cauda y el momento de la cauda, analizando 100 núcleos por grupo experimental. Los resultados muestran incrementos en los parámetros analizados al comparar las muestras de agua y sedimentos provenientes de San Luis con el grupo testigo. Lo anterior evidencia la presencia de agentes que ponen en riesgo la integridad de los organismos expuestos.

EVALUACIÓN *IN VITRO* DE LA ACTIVIDAD CITOTÓXICA DE QUERCETINA CON MODIFICACIONES ENZIMÁTICAS EN CÉLULAS DE CÁNCER DE COLON Y DE CÉRVIX

Macías Martín, D.A., Flores Hernández, F.Y.* , Barrera Martínez, I.C.* , Casas Godoy, L., García García, M.R.

Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. (CIATEJ). fflores@ciatej.mx

En la actualidad el cáncer es un problema de salud a nivel mundial y uno de los principales tratamientos es la quimioterapia; sin embargo, ésta daña a las células cancerosas y también destruye o hace lento el crecimiento de células sanas, causando efectos adversos que reducen la calidad de vida. Las investigaciones se enfocan en el análisis antineoplásico de nuevas moléculas como la quercetina, una biomolécula flavonoide abundante en la dieta de la cual existe evidencia que tiene efectos anticancerosos, incluida la inhibición de proliferación, crecimiento y migración celular. Sin embargo, tiene una biodisponibilidad baja debido a su poca solubilidad, productos metabólicos inactivos y rápida eliminación del cuerpo. En consecuencia, se necesitan implementar estrategias para mejorar su biodisponibilidad. En este trabajo evaluamos la actividad de quercetina modificada enzimáticamente con una lacasa comercial; sobre la actividad citotóxica de líneas tumorales de cérvix, HeLa (ATCC-CCL-2TM), y cáncer de colon, Caco-2 (ATCC-HTB-37) como un primer indicio de la actividad antineoplásica. Quercetina comercial se sometió a reacción enzimática con dos diferentes concentraciones (0.4 y 0.8 U/mL) de lacasa durante 24 h, evidenciando las transformaciones y estabilidad de la molécula por espectrofotometría. Cultivos celulares de líneas tumorales y de línea VERO (ATCC-CCL-81) como control de células no cancerosas, se expusieron a once diferentes concentraciones de quercetina comercial y oxidada durante 72 h, se utilizó un kit (BD Cell Viability Kit) para discriminar y cuantificar células viables y muertas por medio de citometría de flujo. Se pudo apreciar tanto por microscopía como por los dot plots, que las células Caco-2 perdieron más del 90% de su viabilidad, así mismo, las HeLa llegaron a presentar viabilidad mínima de entre 10% y 45%, ambas con quercetina oxidada a 1000uM; mientras que las células VERO presentaron viabilidad mínima de entre el 65% y 80% con quercetina comercial y 65% y 70% con quercetina oxidada. Los resultados sugieren que la quercetina oxidada a 0.8 U/mL tiene mejor actividad antineoplásica en ambas líneas neoplásicas obteniendo viabilidad mínima del 10% y manteniendo la viabilidad de las células VERO por arriba del 60%.

DAÑO CITOGENOTÓXICO EN *Vicia faba* INDUCIDO POR AGUA Y SEDIMENTOS RESIDUALES, DE IXTACUIXTLA, TLAXCALA

Ahuactzi-Cortes, H.¹, Sánchez-Alarcón, J.², Orea-Padilla, R.M.³,
Valencia-Quintana, R.^{2*}

¹Licenciatura en Biología. ²Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Red Temática de Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua. ³Laboratorio de Microscopía. CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223.

Facultad de Agrobiología. Universidad Autónoma de Tlaxcala, Km 10.5 Autopista San Martín-Tlaxcala, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, Tlaxcala, C.P. 90120 México.

*prvq2004@yahoo.com.mx

Las aguas residuales urbanas están formadas por descargas industriales, agrícolas y domésticas, son mezclas complejas, que pueden tener efectos adversos para la salud humana y los ecosistemas. Diversos estudios han demostrado que algunas de las sustancias presentes en aguas residuales, tienen el potencial de dañar el ADN, lo que sugiere la necesidad de llevar a cabo estudios para determinar este riesgo. Uno de los sistemas de prueba que ha demostrado ser versátil y eficiente, es el de las células meristemáticas de la raíz de *Vicia faba*. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el daño citogenotóxico en este bioensayo por exposición a sedimentos y aguas de descargas residuales urbanas del municipio de Ixtacuixtla, Tlaxcala. Las muestras (3 de cada una), fueron proporcionadas por la Comisión Nacional del Agua (CONAGUA), las semillas de *Vicia faba* se lavaron y se dejaron en imbibición por 24 horas en oscuridad. Posteriormente se colocaron entre 2 capas de algodón húmedo a 20 °C, en cuanto apareció la radícula (5-6 días), se removió la testa y al medir la raíz principal de 2-3 cm se expusieron a las muestras antes mencionadas. Se dio un tratamiento de 4 horas con 18 y 44 horas de recuperación en un baño con agua, aireación y temperatura constante, Se formaron 8 lotes cada uno con 10 raíces, para los 3 tratamientos con las aguas y 3 con los sedimentos, además de un testigo negativo (agua destilada) y uno positivo (dicromato de potasio al 0.05%), Posteriormente se realizó la tinción de Feulgen y se continuó con el aplastamiento del tejido en monocapa y con una gota de resina Entellan se hicieron permanentes. La observación se llevó a cabo a 40X analizando 1000 células en interfase y registrando la presencia de MN por laminilla, de igual manera se realizó el conteo de células en división (mitosis) en un total de 1000 células para determinar el índice mitótico (IM), los resultados muestran incrementos significativos en la frecuencia de MN y alteraciones en el IM, por lo que se concluye que las muestras de agua y sedimentos tienen potencial genotóxico y citotóxico.

ABERRACIONES CROMOSÓMICAS EN FETOS DE RATONAS TRATADAS CON TALIO

Lezama Sánchez, E. Mateos Nava, R.A., Rodríguez Mercado, J.J.,
Álvarez Barrera, L.*

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental, UMIEZ, Lab. 5 pp. FES Zaragoza, Campus II, UNAM, Batalla del 5 de Mayo esq. Fuerte de Loreto, Ejército de Oriente, Iztapalapa, CP 09230, CDMX.
alvarezbarreralucila@gmail.com

La población en general y en particular las mujeres gestantes se encuentran expuestas a contaminantes ambientales, incluyendo metales como el talio. En estudios epidemiológicos se ha encontrado relación entre la concentración de talio en orina o en sangre de mujeres embarazadas con aumento en la frecuencia de partos prematuros y menor peso de los neonatos. En modelos experimentales *in vivo* el talio produce anomalías en el desarrollo y su administración en el día 7 de gestación a ratonas preñadas provoca retraso en la osificación, defectos de postura y variaciones morfológicas externas. En cultivos celulares, el talio y sus compuestos producen genotoxicidad y citotoxicidad. Por lo anterior, en este trabajo se planteó evaluar mediante el análisis citogenético el índice mitótico (IM) y el porcentaje de células con aberraciones cromosómicas (AC) en fetos de ratonas tratadas durante la organogénesis con acetato de talio(I). A grupos de 5 hembras preñadas, se les administró vía intraperitoneal dosis de 5.28, 6.16 mg/kg de acetato de talio(I) en los días 6, 8, 10, 12, 14 y 16 de gestación, además se contó con un grupo testigo tratado con agua inyectable. En el día 18 de gestación se obtuvieron los fetos y se realizaron las preparaciones citogenéticas de hígado fetal (4 por hembra), las que se evaluaron al microscopio óptico. Se calculó el IM como indicador de citotoxicidad, también se contó el número y tipo de AC estructurales como indicador de genotoxicidad. El manejo de los organismos se realizó de acuerdo con la NOM-062-ZOO-1999. El proyecto fue revisado y aprobado por el Comité de Ética de la FES-Zaragoza. Los resultados muestran que el acetato de talio(I) incrementa el porcentaje de células con AC estructurales y reduce el IM en el hígado de los fetos analizados en las dosis probadas, No se sabe el mecanismo por el cual se producen estos efectos; sin embargo, en hígado de ratones adultos C57BL/6J se ha observado que la administración de talio incrementa la generación de especies reactivas de oxígeno, lo que induce estrés oxidante que puede causar daño en el ADN y retrasar el ciclo celular para repararlo.

CAPACIDAD ANTIGENOTÓXICA E HIPOGLUCEMIANTE DEL JUGO DE CHAYOTE (*Sechium edule*)

Madrigal-Santillán, E.^{1*}, Portillo-Reyes, J.¹, Cruz-Jaime, S.², Sánchez-Gutiérrez, M.², Izquierdo-Vega, J.A.², Morales-González, J.A.¹, Madrigal-Bujaidar, E.³

¹ ESM, Instituto Politécnico Nacional. "Unidad Casco de Santo Tomás". CDMX

² ICSA, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Tilcuautla. Pachuca Hidalgo

³ ENCB, Instituto Politécnico Nacional. "Unidad A. López Mateos". CDMX.
eomsmx@yahoo.com.mx

La medicina tradicional continúa usándose para tratar y/o prevenir la aparición y progresión de enfermedades crónicas. Específicamente, el chayote (*Sechium edule*), hortaliza consumida en la gastronomía mexicana, ha mostrado actividad diurética, antiinflamatoria, hipotensora, antiulcerosa, antihiperlipidémica, antimicrobiana y antioxidante. También tiene acción en el control de la depresión, anemia, insomnio y osteoporosis. El objetivo fue determinar el potencial antigenotóxico de dos tipos de jugo de chayote fresco [filtrado (JCh-f) y sin filtrar (JCh-sf)] contra el daño producido por el benzo(a)pireno [B(a)P] mediante el ensayo de micronúcleos (MN) y evaluar su capacidad hipoglucemiante en ratas Wistar. Los jugos fueron consumidos libremente durante 2 semanas. Para MN se incluyó un testigo negativo, un grupo control de cada jugo, un lote positivo [B(a)P, dosis 200 mg/kg/semana], y dos lotes combinados [B(a)P más JCh-f o JCh-sf]. Se realizaron frotis sanguíneos que se tiñeron y observaron al microscopio para cuantificar el número de eritrocitos normocrómicos micronucleados (ENCMN). La diabetes se indujo por inyección de estreptozotocina (STZ, 2.5 mg/kg). Se incluyeron: a) testigo negativo (animales sanos más agua), b) animales sanos más cada jugo, c) lote control de animales diabéticos más metformina (MTF, 200 mg/kg/diario), y d) 3 lotes de animales diabéticos más agua, JCh-f o JCh-sf. Se cuantificó el peso corporal, la concentración de glucosa sanguínea y el líquido consumido (2 veces/semana). Los resultados indicaron: a) B(a)P incrementó la frecuencia de ENCMN, b) ningún jugo produjo efectos tóxicos o indujo MN; por el contrario, ambos fueron genoprotectores. Sin embargo, el efecto más significativo lo presentó JCh-sf al final del experimento (70%), c) el JCh-sf recuperó el peso corporal y la concentración de glucosa sanguínea, de manera comparable a MTF. Se sugiere que JCh-sf tiene mayor cantidad de fibra y/o fitoquímicos que favorecen ambos efectos terapéuticos. Posiblemente, la genoprotección también se relaciona con su capacidad antioxidante.

FRAGMENTACIÓN DEL ADN INDUCIDA POR AGUA Y SEDIMENTOS DE LA PRESA DE ATLANGATEPEC EN AEROPUERTO

Rodríguez-Tlatelpa, L.C.¹, Sánchez-Alarcón, J.², Pérez-González, L.C.², Valencia-Quintana, R.^{2*}

¹Licenciatura en Biología. ²Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223. Red Temática de Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P. 90120. *prvq2004@yahoo.com.mx

El uso de bioensayos a corto plazo, que pueden detectar una amplia gama de agentes genotóxicos, permite cuantificar este riesgo sin información previa sobre la identidad de los compuestos presentes ni de sus propiedades fisicoquímicas. Estos análisis han demostrado que algunos cuerpos de agua del mundo están contaminados con potentes mutágenos de acción directa e indirecta. Se informa que éstos son contaminados por descargas parcialmente tratadas o no tratadas de actividades industriales, agrícolas, municipales y domésticas. En las cercanías de la presa de Atlangatepec se ubica la zona conocida como Aeropuerto, actualmente sin registros de actividad antropogénica, sin embargo, se conoce que la región ha sido fuertemente impactada por el cambio en el uso del suelo hacia actividades agrícolas y pecuarias. Por lo anterior, se sospecha que el humedal puede presentar problemas de contaminación, por lo cual es importante evaluar la presencia de agentes genotóxicos en el agua y sedimentos de la presa en la zona de Aeropuerto. Para ello, se utilizó la prueba de electroforesis unicelular alcalina o ensayo cometa (SCGE), en células de la raíz de *Vicia faba*. Se tomaron muestras de agua y sedimentos del sitio, exponiendo raíces de entre 3-5 cm durante 2 horas. Como testigo negativo, las raíces fueron expuestas a agua destilada y a dicromato de potasio (0.05%), como testigo positivo. Se extrajeron los núcleos, que se colocaron entre dos capas de agarosa, se sometieron a lisis pH=10 por 60 min. y electroforesis pH=13 a 300 mA y 25 Volts, se tiñeron con bromuro de etidio y se analizaron con el software Comet Assay IV, analizando 100 núcleos por laminilla. Se aplicaron las pruebas estadísticas pertinentes, comparando los diferentes parámetros del SCGA, entre el testigo y el grupo experimental. Se encontró que las diferencias fueron estadísticamente significativas tanto para las muestras de agua como de sedimentos. Esto último sugiere que en la zona de Aeropuerto de la presa de Atlangatepec se encuentran sustancias potencialmente genotóxicas lo cual representa un riesgo para los organismos que habitan en ese lugar.

FRAGMENTACIÓN DEL ADN EN *Vicia faba* PRODUCIDA POR AGUA Y SEDIMENTO EN SANTA CLARA OZUMBA, ATLANGATEPEC

Flores-García, Y.¹, Sánchez-Alarcón, J.², Salvador-Muñoz, A.², Valencia-Quintana, R.^{2*}

¹Licenciatura en Biología. ²Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223, Red Temática de Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P.90120. *prvq2004@yahoo.com.mx

Desde su origen, los seres humanos han estado contaminando el ambiente. Sin embargo, la intensidad y la gravedad de la contaminación ha aumentado drásticamente en las últimas décadas. La presencia de agentes potencialmente genotóxicos ha afectado los ecosistemas y la salud de los organismos expuestos, incluido el ser humano. Santa Clara Ozumba en Atlangatepec, Tlaxcala, es una pequeña localidad agrícola que cuenta con un relleno sanitario en una de sus barrancas, por lo que, los lixiviados y algunos residuos de plaguicidas son arrastrados hasta la presa Atlangatepec por las aguas pluviales, concentrando potencialmente un gran número de contaminantes que pueden alterar directa o indirectamente la integridad del material genético. Se han establecido varios bioensayos de plantas superiores para detectar y monitorear mutágenos ambientales, uno de ellos lo constituyen las células de la raíz de *Vicia faba*. El objetivo de este estudio fue evaluar la genotoxicidad del agua y sedimentos de la presa de Atlangatepec en Santa Clara Ozumba, usando las células de la raíz de *Vicia faba* mediante la técnica del ensayo de cometa; para ello se tomó una muestra de agua y sedimentos del sitio de estudio, para posteriormente exponer raíces de entre 4-5 cm a éstas durante 2 horas. Como testigos, las raíces fueron expuestas a agua destilada (negativo) y a dicromato de potasio al 0.05% (positivo) se extrajeron los núcleos los cuales se colocaron entre dos capas de agarosa, colocando las laminillas en una solución de lisis a 4°C en obscuridad, después de lo cual se sometieron a electroforesis por 20 min, a 300 mA y 25 voltios, se tiñeron con bromuro de etidio y se analizaron en un microscopio de fluorescencia, con el software Comet Assay IV. Se determinaron la longitud de la cabeza y de la cauda, la intensidad de la cabeza y de la cauda, así como el momento de la cauda, en 100 núcleos por grupo experimental. Los valores encontrados muestran incrementos de daño significativos en las muestras expuestas al agua y sedimentos de Santa Clara al compararse con el testigo negativo, por lo que representan un riesgo para los organismos expuestos.

***Vicia faba* COMO BIOENSAYO DE GENOTOXICIDAD DEL AGUA Y SEDIMENTO DEL FUERTE APACHE EN ATLANGATEPEC, TLAXCALA**

Flores-García, Y.¹, Rodríguez-Ruggerio, D.¹, Sánchez-Alarcón, J.²,
Montiel-González, J.M.R.², Valencia-Quintana, R.^{2*}

¹Licenciatura en Biología. ²Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223, Red Temática de Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P.90120. *prvq2004@yahoo.com.mx

Actualmente los análisis basados en efectos, como el daño al ADN en *Vicia faba*, están siendo reconocidos como herramientas excelentes para una evaluación integral y confiable de la calidad del agua, para complementar las determinaciones habituales de parámetros físicos y químicos. Entre las muchas sustancias tóxicas que pueden estar presentes en las aguas superficiales, los genotóxicos han sido una de las principales preocupaciones con respecto a la calidad del agua. En el estado de Tlaxcala la Presa de Atlangatepec ha sido impactada por el escurrimiento de aguas provenientes de varios municipios del estado. El objetivo de este estudio fue evaluar la genotoxicidad del agua y sedimentos del Fuerte Apache en Atlangatepec, Tlaxcala, usando como bioindicador el daño al ADN en células de la raíz de *Vicia faba* mediante la técnica de ensayo cometa (SCGE). Para ello semillas de *V. faba*, fueron colocadas entre 2 capas de algodón para su germinación y cuando las raíces crecieron entre 3-5 cm fueron expuestas a las muestras durante 2 horas, al igual que dos testigos: agua destilada (negativo) y a dicromato de potasio al 0.05% (positivo) a 20°C en oscuridad total. Se extrajeron los núcleos que se colocaron entre dos capas de agarosa de bajo punto de fusión, fueron sometidas a 60 min de lisis pH=10, después de lo cual se colocaron en una solución de electroforesis pH \geq 13 la cual se corrió por 20 min., a 300 mA y 25 Volts. Se tiñeron con bromuro de etidio y se analizaron al microscopio de epifluorescencia con el software Comet Assay IV. Posteriormente se determinó la longitud e intensidad de la cabeza y de la cauda, así como el momento de la cauda de los cometas, analizando 100 núcleos por grupo experimental. Los valores encontrados muestran incrementos de daño en las muestras expuestas al agua y sedimentos del Fuerte Apache al compararse con el testigo negativo. Por lo que se concluyó que en el agua y sedimentos del sitio se encuentran agentes potencialmente genotóxicos, probablemente derivados de las diversas actividades antropogénicas que se realizan cercanas a la cuenca.

ENSAYO COMETA EN *Vicia faba* PARA EVALUAR EL POTENCIAL GENOTÓXICO EN LA COMPUERTA DE LA PRESA DE ATLANGATEPEC, TLAXCALA

Rodríguez-Ruggerio, D.¹, Sánchez-Alarcón, J.², Yáñez-Pérez, M.¹,
Minor-Caballero, A.E.², Valencia-Quintana, R.^{2*}

¹Licenciatura en Biología. ²Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223. Red Temática de Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P.90120. *prvq2004@yahoo.com.mx

El uso de plantas en el monitoreo ambiental tiene muchas ventajas sobre otros sistemas: son económicas, sensibles y fáciles de manejar. Entre ellas, *Vicia faba* se ha utilizado para evaluar el daño causado al ADN ocasionado por contaminantes ambientales. Por otra parte, el ensayo cometa se ha empleado para el análisis de riesgos genotóxicos de agentes ambientales, en múltiples especies y ha demostrado ser un método sensible para la detección de la genotoxicidad de productos químicos y mezclas complejas, así como en el biomonitoreo ambiental. Con base en los antecedentes, el objetivo de esta investigación fue evaluar el potencial genotóxico de los contaminantes presentes en agua y sedimentos de "La Compuerta" en la Presa de Atlangatepec, considerando el impacto que ejerce el cambio en el uso del suelo, hacia actividades agropecuarias y recreativas. Las semillas de *Vicia faba* fueron germinadas entre 2 capas de algodón y cuando las raíces midieron entre 4-5 cm, fueron expuestas a las muestras durante 2 horas. Después de esto se extrajeron los núcleos y fueron colocados entre dos capas de agarosa de bajo peso molecular, las laminillas fueron colocadas en una solución de lisis pH=10, por 60 min. a 40°C en oscuridad después de lo cual se corrió una electroforesis a 300 mA y 25 Voltios por 20 min. las laminillas se tiñeron con bromuro de etidio, se analizaron con el Software Comet Assay IV en el microscopio de fluorescencia, donde se evaluaron 100 núcleos registrando parámetros como la intensidad y longitud de la cabeza, la intensidad y el largo de la cauda, así como el momento de la cauda. Las diferencias encontradas entre las muestras de agua de "La Compuerta" y el testigo negativo no muestran diferencias significativas. Por el contrario, las muestras de sedimentos del sitio evaluado contienen agentes potencialmente genotóxicos que provocaron daño al ADN de las células de la raíz de *Vicia faba*, de manera estadísticamente significativa, lo cual representa un riesgo para los organismos expuestos, así como para las actividades recreativas que se llevan a cabo en el sitio.

EFEECTO PREVENTIVO DEL JUGO DE TORONJA SOBRE EL DAÑO INDUCIDO POR EL CADMIO EN ESPERMATOZOIDES, ESPERMÁTIDAS Y TESTÍCULOS DE RATÓN

García-García, J.D., Álvarez-González, I., Espinosa-Ahedo, B.,
Espinosa-García, L., Madrigal-Bujaidar, E*

Laboratorio de Genética, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, México-Ciudad de México.

Los problemas de esterilidad e infertilidad han incrementado en las últimas décadas. Al respecto, se ha demostrado que el 40% de su origen está asociado al factor masculino, principalmente por una deficiencia en la calidad espermática. Una de las múltiples causas del problema es la exposición a metales con capacidad oxidante, como el cadmio. Por otra parte, se ha reportado que el jugo de toronja posee capacidad genoprotectora y antioxidante frente al daño producido por diferentes xenobióticos en células somáticas. Por lo tanto, en el presente estudio se evaluó su capacidad para prevenir el daño genotóxico y oxidativo inducido por el cadmio en células espermáticas de ratón. Se estudió el efecto de 4.16, 16.64 y 33.28 $\mu\text{L/g}$ de jugo de toronja (correspondientes a 1,4 y 8 vasos) contra el efecto de 3 mg/kg de cloruro de cadmio. Los resultados mostraron un efecto positivo, particularmente con la dosis más alta, obteniéndose una mejora promedio de 20, 70, 80 y 85% en la concentración, movilidad, morfología y viabilidad del espermatozoide, así como una disminución del 70 % con respecto a la cantidad de micronúcleos observados en espermátidas y de 50% en la frecuencia del daño al DNA medido con el ensayo cometa. Además, los ensayos de oxidación mostraron una disminución de un 60 y 90% con respecto a las proteínas y lípidos oxidados por efecto del cloruro de cadmio, así como una mejora de 100% en la capacidad oxidante total con la dosis más alta. Con lo anterior se estableció un importante efecto protector con el jugo de toronja, siendo su efecto antioxidante uno de los posibles mecanismos involucrados frente al daño inducido por el cadmio.

MUERTE CELULAR PROGRAMADA EN *Gnaphalium lavandulifolium*, UN BIOINDICADOR DE CONTAMINACIÓN POR METALES PESADOS

Cortés-Eslava, J.^{1*}, Gómez-Arroyo, S.¹, Mérida-Cortés, P.A.¹, Valencia-Quintana, R.³, Lara-Martínez, R.⁴, Jiménez García, L.F.⁴

¹Laboratorio de Genotoxicología y Mutagénesis Ambientales y ²Espectroscopía y Percepción Remota, Instituto de Ciencias de la Atmósfera y Cambio Climático, Universidad Nacional Autónoma de México. Circuito Exterior, Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, Ciudad de México, México. 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. ⁴Laboratorio de Microscopía Electrónica, Edificio Tlahuizcalpan, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, Ciudad de México, México.
jcortes@atmosfera.unam.mx

La contaminación por metales pesados puede afectar la salud y el balance de los ecosistemas por su toxicidad y estabilidad. En el valle de México, este problema deriva de las emanaciones volcánicas y sedimentos de corteza, producto de los ciclos biogeoquímicos. El biomonitoreo con plantas, constituye una herramienta perfecta para evaluar la presencia y efecto de estos compuestos. Para este propósito, el análisis de muerte celular programada (MCP) es un marcador excelente. Las caspasas, proteasas esenciales en la regulación de muerte celular programada en animales, no tienen homología en plantas, sin embargo, se observa actividad enzimática similar a la de aquellas en numerosos procesos de muerte celular. Para analizar la expresión de proteínas "caspasa-3 like", indicadores de MCP se colocó la planta silvestre *G. lavandulifolium*, por 2, 4 y 8 semanas en cuatro sitios del Valle de México: Alzomoni (ALT), Coyoacán (COY), Ecatepec (ECA) y Tlalnepantla (TLA); el Testigo (T) permaneció aislado bajo condiciones controladas. Posteriormente, muestras de hojas fijadas con paraformaldehído 4%, enjuagadas con PBS y deshidratadas gradualmente con metanol (30-100%), se incluyeron en Lowicryl, polimerizando 24 h a -20 °C y a temperatura ambiente en presencia de luz UV. Se colocaron cortes semi-finos, en portaobjetos tratados con Poli-lisina. Se aplicó el anticuerpo anti-caspasa-3 en dilución 1:25 por 2 h en cámara húmeda en oscuridad, se lavó con TBST agregando el anticuerpo secundario acoplado al fluorocromo Alexa 488 diluido 1:20 por 1:30 h, se lavaron y tiñeron con DAPI, se montaron con Vectashield y se observaron al microscopio de fluorescencia. Asimismo, el análisis químico en las plantas de cada sitio, mostró altas concentraciones de metales probadamente tóxicos. Se evidenció expresión diferencial de proteínas "caspasa-3-like" en las células foliares dependiendo del sitio y tiempo de exposición, TLA>ECA>ALT >COY>T. Se concluyó que el desarrollo de MCP inferido por la detección de proteínas "caspasa-3 like" en las células, es atribuible al menos parcialmente a los metales pesados acumulados en las hojas de *G. lavandulifolium* probando su eficiencia como indicador de contaminación por metales pesados. Agradecimientos: Al Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT) IN112517.

ESTANDARIZACIÓN DE ENSAYO COMETA PARA DETECCIÓN DE GENOTOXICIDAD EN PACIENTES EN REMISIÓN DE CÁNCER DE MAMA

Torres Torres, J.C.¹, Flores Gracia, J.^{1*}, Martínez Hernández, R.A.², Horta Vega, J.V.¹

¹Laboratorio de Biotecnología, División de Estudios de Posgrado, Instituto Tecnológico de Cd. Victoria, Tamaulipas. 87010, Boulevard Emilio Portes Gil no. 1301 Pte. Cd. Victoria, Tamaulipas. ²Centro Oncológico de Tamaulipas, Avenida del Maestro no.116, Fracc. Las Flores, C.P. 87070 Cd. Victoria, Tamaulipas.
juliotorrestorres@hotmail.com

El cáncer de mama es la neoplasia más frecuente en mujeres en países desarrollados y subdesarrollados; su incidencia va en aumento a pesar de las medidas de prevención y detección temprana. Debido a este cáncer, en el 2020 en México fallecieron 7,821 mujeres, siendo el uso de medicamentos de efecto genotóxico y citotóxico (Quimioterapia) la terapia adyuvante en el tratamiento de cáncer de mama. Estudios realizados en Estados Unidos demuestran un aumento de hasta 9 veces la probabilidad de desarrollar Síndrome mielodisplásico (SMD) o leucemia mieloide aguda (LMA) después de recibir tratamiento con quimioterapia para casi todos los tipos de tumores sólidos, presentando manifestaciones clínicas durante los 5 años después de haber terminado las aplicaciones. Surgiendo la necesidad de implementar en el ITCV un protocolo capaz de evaluar el efecto genotóxico en pacientes tratadas con quimioterapia en los últimos 5 años en el Centro Oncológico de Tamaulipas. Y realizar la comparación con pacientes no tratadas y entre los distintos grupos de pacientes según el tiempo transcurrido de la exposición a la quimioterapia. Una técnica muy útil para evaluar el daño del ADN es el llamado Ensayo Cometa, y que fue desarrollada por Ostling y Johanson [1984] el cual consiste en una electroforesis en microgel para detectar daños en el ADN al nivel de célula única. Se ha logrado estandarizar la metodología para la recuperación de leucocitos de sangre periférica mediante gradiente de densidad con Ficoll. Mediante el uso de las herramientas tecnológicas disponibles en el instituto se implementó el ensayo cometa con electroforesis alcalina pH > 13 capaz de detectar rupturas de cadena sencilla y doble del ADN y una tinción de Giemsa para su evaluación visual en microscopio óptico. A pesar de que el avance en la tecnología sugiere una tinción con bromuro de etidio y posterior lectura con fluorescencia, no siempre es posible el acceso a estas herramientas, sin embargo, se ha podido establecer una metodología que oriente al investigador referente a la integridad/daño del ADN y determinar si es que existe una relación entre los resultados obtenidos y datos clínicos de SMD o LMA.

MICRONÚCLEOS EN SANGRE PERIFÉRICA DE FETOS Y RATONAS TRATADAS CON TALIO (I)

Hernández Córdova, K.N., Mateos Nava, R.A., Rodríguez Mercado, J.J.,
Álvarez Barrera, L.*

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental, UMIEZ, Lab. 5 pp. FES
Zaragoza, Campus II, UNAM, Batalla del 5 de Mayo esq. Fuerte de Loreto,
Ejército de Oriente, Iztapalapa, CP 09230, CDMX.
*alvarezbarreralucila@gmail.com

La población en general y en particular las mujeres embarazadas están expuestas a diferentes metales, entre los que se encuentra el talio (TI), además se reportó que existe relación causal entre la concentración de talio en muestras de orina y sangre de mujeres embarazadas con parto prematuro y bajo peso al nacer. En modelos *in vivo* se demostró que el talio atraviesa la placenta y produce anomalías externas y óseas en fetos de hembras tratadas con acetato de talio (CH₃COOTI). En linfocitos cultivados *in vitro* se encontró que compuestos de este metal producen efectos genotóxicos y citotóxicos. Por lo que el objetivo de este trabajo fue evaluar el posible efecto genotóxico y citotóxico en los fetos y en las hembras tratadas durante la organogénesis con CH₃COOTI. Se emplearon tres grupos de cuatro ratonas CD-1 preñadas: grupo I testigo (0.1 mL H₂O/10 g de peso corporal), grupos II y III tratados con CH₃COOTI (5.28 y 6.16 mg/Kg respectivamente), los tratamientos se administraron ip los días 6, 8, 10, 12, 14 y 16 de gestación. El efecto citotóxico se evaluó con la relación de eritrocitos policromáticos (EPC) presentes en 2000 eritrocitos totales y viabilidad celular; el efecto genotóxico se evaluó contando eritrocitos policromáticos micronucleados (EPC-MN) obtenidos de sangre periférica de las hembras y los fetos. El manejo de los organismos se realizó de acuerdo con la NOM-062-ZOO-1999. El proyecto fue aprobado por el Comité de Ética de la FES-Zaragoza. Los resultados mostraron que las hembras tratadas con la dosis de 5.28 mg/Kg presentaron aumento del número de EPC-MN en todas las horas de muestreo, el número de EPC no mostró diferencias significativas. En los fetos aumentó el número de EPC-MN en ambas dosis. La viabilidad celular fue superior al 97% en las hembras y los fetos. El CH₃COOTI fue genotóxico para las hembras y los fetos sin ocasionar citotoxicidad. Proyecto financiado PAPIIT/UNAM No. IN229220.

EMPLEO DEL ENSAYO COMETA PARA ELUCIDAR EL POTENCIAL GENOTÓXICO DE AGUAS RESIDUALES EN IXTACUIXTLA DE MARIANO MATAMOROS, TLAXCALA

López-Ramírez, M.E.², Sánchez-Alarcón, J.¹, Cervantes-Ramos, C.J.¹, Gregorio-Jorge, J.³, Xochitotol-Nava, G.¹, Valencia-Quintana, R.¹

¹Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223, Red Temática de Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua. ²Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Km 10.5 Autopista San Martín-Tlaxcala, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, Tlaxcala, C.P. 90120 México. ³Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología – Comisión Nacional del Agua. Av. Insurgentes Sur 1582, Col. Crédito Constructor, Del. Benito Juárez, 03940, Ciudad de México, México.
*prvq2004@yahoo.com.mx

La liberación de efluentes industriales, municipales y domésticos, sin tratar en los cuerpos de agua es una gran amenaza para el ambiente y la salud humana. Con la creciente contaminación de las aguas superficiales, los efectos genotóxicos de éstas han recibido mucha atención. En México cerca del 50% de las aguas residuales no tiene ningún tratamiento, lo que ocasiona que sea un riesgo para los sistemas vivos. Por lo que la inclusión de ensayos toxicológicos es imprescindible para conocer los posibles efectos negativos de éstas. Un ejemplo es el Ensayo Cometa (EC), desde que Singh y colaboradores, propusieron a la comunidad científica el protocolo de electroforesis en gel de célula única alcalina (SCGE), o EC, sus usos y aplicaciones han ido en aumento. Las áreas temáticas de su empleo actual en la evaluación de la toxicidad genética son amplias, ya sea in vitro o in vivo, tanto en el laboratorio como en el ambiente terrestre o acuático. Por ello, el objetivo de la presente investigación fue evaluar el potencial genotóxico de las aguas residuales del municipio de Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, Tlaxcala, empleando el EC en células de la raíz de Vicia faba. Las muestras fueron obtenidas en diferentes puntos del municipio separando agua y sedimentos. Las semillas fueron puestas a germinar entre dos capas de algodón humedecido y cuando alcanzaron una longitud de entre 3-5 cm fueron expuestas durante dos horas a las muestras. El testigo negativo estuvo en agua destilada, mientras que el positivo en dicromato de potasio (0.05 M). Después del tratamiento se realizó el aislamiento de los núcleos. Posteriormente, se sometieron a lisis durante 20 minutos. La electroforesis se realizó a 25 V y 300 mA, durante 20 min. las laminillas se lavaron suavemente en Tris 0.4 M. El análisis se hizo con un microscopio de epifluorescencia conectado a un analizador de imágenes (Comet Assay IV) con el que se cuantificó el daño inducido. Los resultados muestran incrementos significativos del daño al ADN inducido por el agua y sedimentos residuales de los 5 puntos monitoreados, por lo que éstos representan un riesgo para la población expuesta.

EVALUACIÓN DE LIPOPEROXIDACIÓN EN TEJIDOS DE FETOS DE RATONAS TRATADAS CON TALIO Y CADMIO

Montes-Castillo, M., Nexpanco Nava, Y., García Juárez, J.A., Mateos-Nava, R.A.,
Rodríguez-Mercado, J.J., Álvarez Barrera, L.*

Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Campus II, UNAM, Batalla de 5 de Mayo
esq. Fuerte de Loreto, Col. Ejército de Oriente, Alcaldía de Iztapalapa, 09230. CDMX.

*alvarezbarrereralucila@gmail.com

El embarazo es el estado fisiológico donde se forman dos productos, la placenta y el feto, lo cual requiere una demanda energética elevada y el incremento en los requerimientos de oxígeno, dando lugar a la producción de especies reactivas de oxígeno. Las mujeres embarazadas y su descendencia están expuestas de manera ambiental y ocupacional a diferentes compuestos metálicos, entre los que se encuentran el cadmio y el talio, capaces de incrementar dichas especies, quienes inducen efectos adversos a la salud humana. Con base en lo anterior, el objetivo de este trabajo fue determinar si la administración de cloruro de cadmio o acetato talio a ratonas gestantes durante la organogénesis incrementa la lipoperoxidación (MDA) en los tejidos de los fetos. Se trabajó con 4 grupos de ratonas hembra gestantes de la cepa CD-1, tratados de la siguiente manera: 1) agua inyectable; 2 y 3) acetato de talio 5.28 y 6.16 mg/Kg de peso corporal y 4) cloruro de cadmio 1 mg/Kg, todos se administraron vía i.p. durante la organogénesis los días 6, 8, 10, 12, 14 y 16 de gestación. Se sacrificaron en el día 18 y se obtuvieron muestras de diferentes tejidos de fetos y de las hembras, para evaluar lipoperoxidación con la técnica de determinación de malondialdehído mediante la reacción con ácido tiobarbitúrico. De acuerdo con los resultados obtenidos, hasta el momento, la administración de acetato de talio en dosis de 5.28 y 6.16 mg/kg a ratonas hembra i.p. no incrementó la concentración de MDA en tejidos maternos y fetales.

ANTOCIANINAS EN GRANOS DE MAÍZ PIGMENTADO, CON POTENCIAL ANTIOXIDANTE (AVANCES)

Osawa-Martínez, E., Rodríguez-Yáñez, Y.¹, Minjarez, B¹, Mena-Munguía, S.¹, Albores, A.²

¹Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, 2100 Camino Ramón Padilla Sánchez, Nextipac, Zapopan, Jalisco, México, 45200. ²Sección Externa de Toxicología, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN, Av. Instituto Politécnico Nacional 2508, Col. San Pedro Zacatenco, México, DF 07360, México
eiko.osawa@cucba.udg.mx

Las antocianinas son pigmentos fenólicos solubles en agua, responsables de los colores rojo, púrpura, azul de tejidos vegetales; dentro de las plantas como metabolitos secundarios desempeñan funciones protectoras contra la alta influencia de luz intensa, la luz ultravioleta, por su contenido antioxidante tienen un papel de defensa contra estrés abiótico, como condiciones de sequía, salinidad, estrés por calor, regulación de temperatura en las hojas y el equilibrio osmótico. Bajo estas propiedades antioxidantes en radicales libres se han realizado trabajos en células de otras especies como ratones y humanos contra diversas patologías como hipertensión, hiperlipidemia, hiperglucemia y cáncer con resultados favorables. En México existen diversas variedades nativas de maíces pigmentados que merecen ser caracterizados en forma no sólo morfológica sino bioquímica, por lo que el objetivo de la investigación es la caracterización bioquímica, por lo que se pretende analizar por HPLC, las antocianinas presentes en estos granos de maíz pigmentado, debido al potencial sobre el estrés oxidativo en ROS y RNS que presentan las antocianinas para ciertas enfermedades no transmisibles, o contra xenobióticos que ocasionen estas patologías, los resultados de estos estudios podrían aplicarse en la interpretación de la síntesis de sus vías metabólicas y en la comprensión del acoplamiento molecular de sustancias que interactúan con otras enzimas en los efectos de fármacos.

EL VANADIO(III) MODIFICA LOS NIVELES DE EXPRESIÓN DE LAS PROTEÍNAS CICLINA D, E, CDK2 Y CDK4 EN LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS IN VITRO

Díaz-Sandoval, P., Álvarez-Barrera, L., Rodríguez-Mercado, J.J., Mateos-Nava, R.A.*

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental, UMIEZ, Laboratorio 5 primer piso. Facultad de Estudios Superiores-Zaragoza, Campus II, UNAM. CP 09230, CDMX. México.

*rodrigo.mateos@zaragoza.unam.mx

El vanadio está ampliamente distribuido en la corteza terrestre y es emitido a la atmósfera principalmente por las actividades antropogénicas, sus compuestos son utilizados en la industria del acero, la medicina y en catalizadores industriales. También podemos encontrarlo en los alimentos y el agua potable, representando una fuente de exposición de los organismos a este metal. Estudios *in vitro*, en linfocitos humanos, han demostrado que los óxidos de vanadio interactúan con las moléculas responsables que controlan el ciclo celular, provocando su detención. Sin embargo, estos ensayos se centran en los estados de oxidación +4, +5 y muy pocos con +3. Por tal motivo, en el presente trabajo se evaluó el efecto del tricloruro de vanadio (VCl_3) sobre los niveles de expresión de las proteínas ciclina D, CDK4, ciclina E y CDK2 de linfocitos humanos. Después de los tratamientos con VCl_3 , se determinó la viabilidad con colorantes fluorescentes y el contenido de ADN mediante citometría de flujo para determinar bloqueos en alguna fase del ciclo celular, asimismo, se analizaron los niveles de expresión de las proteínas ciclina D, CDK4, ciclina E y CDK2 con la técnica de "Western blot". Se observó que la administración de VCl_3 no modifica la viabilidad y tampoco la progresión del ciclo celular en alguna fase. En cuanto al análisis de las proteínas, se observó incremento en la expresión de ciclina D y ciclina E a los 24 y 48 horas de exposición; lo anterior en ambos tiempos de exposición. Los resultados sugieren que el VCl_3 altera la expresión de estas proteínas que son encargadas de retrasar el ciclo, pero no lo suficiente para detenerlo. Trabajo realizado con el apoyo del proyecto DGAPA-UNAM PAPIIT IN229220.

IDENTIFICACIÓN DE MICRONÚCLEOS Y PROLONGACIONES NUCLEARES EN TEJIDO AMNIÓTICO DE CRÍAS DE RATA EXPUESTAS A CICLOFOSFAMIDA O COLCHICINA DURANTE LA GESTACIÓN

Ortiz-García, R.G.¹⁻³, Gómez Meda, B.C.³, Gallegos-Arreola, M.P.⁴, Zamora-Pérez, A.⁵, Ortiz-García, Y.M.⁵, Torres-Mendoza, B.M.⁶, Gutiérrez-Sevilla, J.E.⁶, Zúñiga-González, G.M.^{2*}

¹Doctorado en Genética Humana, Centro Universitario de Ciencias de la Salud (CUCS), Universidad de Guadalajara (UdeG); ²Laboratorio de Mutagénesis, División de Medicina Molecular, Centro de Investigación Biomédica de Occidente (CIBO), Instituto Mexicano del Seguro social (IMSS). ³Instituto de Genética Humana "Dr. Enrique Corona Rivera", Departamento de Biología Molecular y Genómica, CUCS, UdeG. ⁴Laboratorio de Mutagénesis, División de Medicina Molecular, CIBO; IMSS. ⁵Instituto de Investigación en Odontología, Departamento de Clínicas Odontológicas Integrales, CUCS, UdeG.

⁶Laboratorio de Inmunodeficiencias y Retrovirus Humanos, División de Neurociencias, CIBO, IMSS. *mutagenesis95@hotmail.com.

El desarrollo del feto puede alterarse por exposición a agentes químicos, físicos o biológicos durante su gestación, debido al daño en su ADN. Un método para evaluar la genotoxicidad es el ensayo de micronúcleos (MN) y/o anormalidades nucleares *in vivo*, que solo requiere un tejido que se divida frecuentemente. El tejido amniótico (TA) de la rata es una opción ideal, pues está en contacto con el medio del feto y está constituido de una capa de células muy fina. El objetivo del estudio fue evaluar la presencia de MN y prolongaciones nucleares (PN) en TA de crías de rata expuestas a ciclofosfamida (CF) o colchicina (COL) durante la gestación. Mediante un diseño experimental con ratas Wistar gestantes, se formaron 3 grupos: control negativo, experimental expuesto a CF (10 mg/kg) o a COL (0.254 mg/kg). Se dosificó vía oral y se tomaron frotis sanguíneos diariamente a las madres, los días 14-18 de gestación. La disección de la rata y obtención del TA de las crías fue el día 19 de gestación, previa anestesia. Las crías fueron pesadas y medidas y las muestras se fijaron en etanol (48 h), se tiñeron con naranja de acridina y se analizaron con microscopio de fluorescencia (100x). Se identificaron MN y PN en los grupos de estudio, lo que demuestra la viabilidad del tejido para el ensayo. Las madres con CF o COL incrementaron los eritrocitos policromáticos micronucleados significativamente, y disminuyeron sus eritrocitos policromáticos en el grupo de CF (48-120 h). Las crías de los grupos experimentales disminuyeron su peso y talla significativamente y el grupo de CF mostró incremento significativo de MN y PN en TA. En conclusión, se implementaron las condiciones para analizar MN y PN en TA de rata. Se observó incremento de MN y PN, ambos indicadores de daño al material genético, en TA por efecto de la CF, mientras la COL sólo mostró efecto en eritrocitos de la madre, lo cual muestra una alternativa viable para analizar en este tejido la integridad del ADN del feto y sus condiciones de desarrollo durante la gestación.

EFFECTO CITOTÓXICO DEL EXTRACTO METANÓLICO DE *Lepidium virginicum* L. (BRASSICACEAE) SOBRE UNA LÍNEA CELULAR DE ADENOCARCINOMA COLORECTAL HUMANO

Gallegos-Saucedo, R., Barrios-García, T., Gómez-Aguirre, Y.A., Valdez- Morales, E.E., Guerrero-Alba, R.*

Universidad Autónoma de Aguascalientes, México, Avenida Universidad 940, C.U., 20130 Aguascalientes, Ags. *raquel.guerrero@edu.uaa.mx

El cáncer colorrectal (CCR) es la tercera causa más alta de muertes relacionadas con el cáncer en todo el mundo y difícil de tratar debido a que un gran porcentaje de pacientes con CCR no responden al tratamiento y/o presentan efectos secundarios adversos. Por esta razón, existe mucho interés en la búsqueda de nuevos compuestos anticancerosos prometedores con mejor eficacia. El uso de plantas medicinales representa una alternativa cada vez más explorada y promisorio para el tratamiento del CCR, ya que son ampliamente reconocidas como fuente de compuestos bioactivos contra el cáncer. La planta *Lepidium virginicum* L. (Brassicaceae), conocida como "lentejilla de campo", ha sido empleada como un remedio natural para diversas afecciones, sin embargo, a la fecha no existe un estudio científico que demuestre su posible efecto terapéutico contra el CCR. Por tal motivo, el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto citotóxico del extracto metanólico de *L. virginicum* sobre una línea celular de adenocarcinoma colorrectal de humano (Caco-2). Se obtuvo el extracto metanólico a partir de los tallos de *L. virginicum* los cuales fueron recolectados, desecados a temperatura ambiente, pulverizados y macerados en metanol. Se filtró, concentró y liofilizó. Los componentes del extracto metanólico fueron analizados por cromatografía de gases acoplada a espectrofotometría de masas (GC/MS) y la actividad citotóxica se evaluó mediante ensayos de viabilidad celular por reducción del compuesto 3-(4,5- dimetiltiazol-2-ilo)- 2,5- difeniltetrazol (MTT) y de lactato deshidrogenasa (LDH). El cromatograma GC/MS mostró la presencia de 28 picos. Entre los compuestos identificados se encuentran compuestos aromáticos y ésteres. De los cuales, 2-Metoxi-4-Vinilfenol, (Z)-5,11,14,17- eicosatetraenoato de metilo y DL-Prolina-5-oxometil éster se han reportado en la literatura con actividad anticancerígena. Los ensayos de MTT y LDH revelaron que el extracto metanólico de *L. virginicum* disminuye la viabilidad celular dependiente de la concentración en la línea celular Caco-2 a las 48 h. Se determinó la concentración inhibitoria del 50% de la viabilidad celular (IC50), siendo de 0.07 mg/ml. En conclusión, nuestros hallazgos demuestran que el extracto de *L. virginicum* posee propiedades citotóxicas sobre Caco-2 sugiriendo que podría ser una fuente potencial posible de nuevos fármacos contra el CCR.

¿EL TRIÓXIDO DE VANADIO CAUSA DAÑO AL ADN MEDIANTE EL AUMENTO DEL PERÓXIDO DE HIDRÓGENO?

Alcántara-Mejía, V.A., Mateos-Nava, R.A., Álvarez-Barrera, L.,
Rodríguez-Mercado, J.J.*

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental, UMIEZ, Lab. 5 pp.
Facultad de Estudios Superiores - Zaragoza, Campus II, UNAM. CP 09230, CDMX.
*juserom@unam.mx.

El Vanadio (V) es un elemento presente en el medio ambiente con aplicaciones en la industria y la farmacología. Se considera contaminante ambiental y su liberación se da principalmente por la quema de combustible fósil. En la atmósfera se encuentra en forma de óxidos de vanadio, tal como el V_2O_3 , V_2O_4 y V_2O_5 . Evaluaciones citogenéticas evidencian que el trióxido de vanadio (V_2O_3) induce efectos citostáticos y genotóxicos: disminuye el índice mitótico, aumenta el tiempo promedio de proliferación celular, así como los intercambios de cromátidas hermanas, aberraciones cromosómicas y rompimiento de cadena sencilla en el ADN. Estos efectos pueden ocasionarse por la presencia de especies reactivas de oxígeno, ya que los antecedentes demuestran que el V_2O_5 aumenta los niveles de peróxido de hidrógeno (H_2O_2) y el V_2O_3 puede ser oxidado por el H_2O_2 formando radicales hidroxilos ($\bullet OH$). Por lo que el objetivo de este trabajo fue evaluar los niveles del H_2O_2 y la inducción de daño al ADN mediante la activación de la proteína sensora de daño al ADN, la histona $\gamma H2AX$ en presencia del V_2O_3 . El trabajo se desarrolló aislando linfocitos humanos, los cuales fueron tratados con 2, 4, 8 o 16 $\mu g/mL$ de V_2O_3 durante 24 h. Las células se incubaron con el reactivo dihidrorrodamina 123 (DHR) y se midió la presencia de H_2O_2 mediante la fluorescencia por citometría de flujo (FACSAria II de BD-Biosciences). Por otra parte, para medir los niveles de expresión de la $\gamma H2AX$, después del tratamiento con V_2O_3 , las células fueron lisadas y las proteínas separadas mediante electroforesis en geles de poliacrilamida, posteriormente se transfirieron a una membrana para identificar la proteína. Los resultados obtenidos mostraron aumentos del contenido de H_2O_2 y cambios en los niveles de expresión de la $\gamma H2AX$. Esto nos indica que el V_2O_3 promueve el daño al ADN mediante la presencia del estrés oxidante. Financiamiento, DGAPA-PAPIIT IN229220.

FRECUENCIA DE VARIANTES CITOGÉNÉTICAS EN PACIENTES CON DIAGNÓSTICO DE SÍNDROME DE TURNER EN EL HOSPITAL INFANTIL DE MÉXICO FEDERICO GÓMEZ DE 2010 A 2020

Pérez Hernández, A.^{1,2}, Reyes de la Rosa, A.P.^{2*}

¹Facultad de Ciencias, UNAM, Investigación Científica, Coyoacán, 04510 Ciudad de México, CDMX. ²Departamento de Genética, Hospital Infantil de México, Federico Gómez, Doctor Márquez 162, Doctores, Cuauhtémoc, 06720 Ciudad de México, CDMX
*areyesdelarosa@gmail.com

El síndrome de Turner (ST) es una de las cromosomopatías más frecuentes que se acompaña de múltiples comorbilidades, por lo que, un diagnóstico temprano es esencial. Esta entidad se ha asociado a distintos resultados en el cariotipo. En México se desconoce la frecuencia de las variantes citogenéticas del ST, así como las manifestaciones que orientan a la sospecha clínica y la edad a la que se diagnostica. Este estudio buscó determinar la frecuencia de las variantes citogenéticas asociadas a pacientes diagnosticadas con ST en el Hospital Infantil de México Federico Gómez de 2010 a 2020. Se evaluaron 136 pacientes con diagnóstico de ST, tomando en cuenta la variante citogenética, la frecuencia con que se presentó cada alteración, el motivo por el que se solicitó el cariotipo y la edad al momento del diagnóstico. El cariotipo más frecuente fue la monosomía 45,X (64.7%), seguido de los mosaicos que involucran el cromosoma X (20.8%), alteraciones estructurales puras del X (10.8%) y mosaicos que involucran al cromosoma Y (3.6%), siendo la alteración de tipo isocromosoma la más frecuente en los tres últimos grupos de variantes citogenéticas. Además, se encontraron variantes con alteraciones estructurales en el cromosoma X y mosaicismos con más de dos líneas celulares que no se habían reportado previamente. Se encontró que la edad diagnóstica más frecuente es la adolescencia y los motivos de realizar cariotipo con mayor frecuencia fueron sospecha clínica de ST y talla baja, aunque en ocasiones se solicitó el estudio citogenético por características no típicas de este síndrome. En conclusión, se obtuvo un panorama general de las pacientes con ST en una población mexicana específica, lo cual permitirá plantear estrategias que logren un diagnóstico más temprano que lleve a un tratamiento oportuno que mejore la calidad de vida de las pacientes.

EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE LA AVICULARINA (QUERCETINA 3-O-A-L-ARABINOFURANÓSIDO) MEDIANTE LA PRUEBA SMART EN ALA DE *Drosophila melanogaster* CRUZAS ESTÁNDAR Y DE BIOACTIVACIÓN ELEVADA

Valderrábano-Franco, A., Cano-Salazar, P., Montoya-Baltazar, K., Santos-Cruz, L.F., Castañeda-Partida, L., Durán-Díaz, A., Dueñas-García, I.E., Heres-Pulido, M.E.*

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

*eugeniahheres@hotmail.com

La avicularina es un compuesto glucorinado que se forma tras la hidrólisis de quercetina, la cual se extrae de algunas plantas consumidas en medicina tradicional y, a pesar de pertenecer a un grupo de metabolitos ampliamente consumidos por sus propiedades biológicas, no han sido tan ampliamente estudiadas como las de la quercetina. Se evaluó *in vivo* el efecto de la avicularina utilizando SMART en alas de *Drosophila melanogaster*. Se cruzaron hembras vírgenes *flr³/TM3, Bd^{Ser}* con machos *mwh/mwh* para obtener la craza estándar (CE) y hembras vírgenes OR(R); *flr³/TM3, Bd^{Ser}* con machos *mwh/mwh* para obtener la craza de bioactivación elevada (CBE). Larvas de 72±4 h fueron alimentadas con avicularina [0.023 mM, 0.047 mM, 0.095 mM, 0.19 mM y 0.38 mM] disuelta en Etanol + Acetona [2% v/v]; 4NQO [2 mM]; Vitamina C [5.6 mM] como testigos positivos; etanol + acetona [2% v/v] y agua miliQ como testigos disolventes. Los tratamientos se realizaron por triplicado en tres experimentos independientes. Se revisaron las alas de individuos trans-heterocigotos y los resultados se analizaron con el programa SMART PC-versión 2.1. El testigo disolvente etanol + acetona [2% v/v] tuvo una disminución significativa en la frecuencia de manchas pequeñas en comparación con el testigo agua, en ambas cruzas. La avicularina en todas las concentraciones utilizadas en la CE incrementó la frecuencia de manchas pequeñas con respecto al testigo, pero sin un efecto significativo, mientras que en la CBE [0.023, 0.047 mM] sí se presentaron diferencias significativas. En la CBE, la distribución del tamaño de los clones *mwh* en cuatro concentraciones [0.023 mM, 0.047 mM, 0.095 mM y 0.38 mM] presentó significancias y en la CE, todas las concentraciones tuvieron diferencias significativas con respecto al testigo. Se concluye que la avicularina a [0.023 mM, 0.047 mM] es genotóxica en la craza BE y además altera la división celular en ambas cruzas, probablemente como consecuencia de un efecto citotóxico reportado anteriormente en pruebas *in vitro*.

EVALUACIÓN DEL EFECTO DEL CONSUMO TEMPRANO DE DIETAS ALTAS EN FRUCTOSA Y/O ÁCIDO PALMÍTICO EN LA SUPERVIVENCIA Y COMPORTAMIENTO DE *DROSOPHILA MELANOGASTER* CEPA WT CANTON-S Y OREGON R (R)-FLARE

Cayetano-Velazquez, M.A.¹, Dueñas-García, I. ¹, Santos-Cruz., L.F.¹, Castañeda-Partida, L.¹, Heres-Pulido, M.E.^{1*}, Velázquez-Ulloa, N.^{2**}

¹Laboratorio de Genética Toxicológica, FES Iztacala UNAM. Av. Los Barrios # 1. Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, Estado de México, CP 54090. ²Lewis & Clark College,

Portland, OR, E.U.A.

*eugeniaheres@hotmail.com, **nvelazquezulloa@lclark.edu

Los organismos tienen necesidades nutricionales específicas para cada etapa de su vida que pueden hacerlos susceptibles en etapas tempranas y repercutir por el resto de sus vidas. El exceso de algunos macronutrientes como lípidos y carbohidratos puede causar enfermedades; cardiovasculares, neurodegenerativas, obesidad, síndrome metabólico, etc. No obstante, *Drosophila melanogaster* es un modelo efectivo para probar los efectos de dietas hipercalóricas debido a sus homologías en vías metabólicas y sus ortologías en genes y moléculas de señalización. El objetivo de este trabajo fue evaluar la supervivencia (SP) y geotaxis negativa (GN) en *D. melanogaster*, cepas silvestre (WT Canton-S = CS) y resistente a insecticidas (Oregon R(R)-flare = OR). Las larvas fueron alimentadas crónicamente con dieta estándar (DN), y dietas con fructosa (FR 17%), ácido palmítico (AP 3.2%) y su combinación (MZ = FR 5% + AP 1%). Para la SP: 10 moscas se colocaron en tubos por tratamiento/sexo/cepa, con 3 repeticiones en 5 experimentos diferentes. Para la prueba de GN se obtuvo el promedio de la escalada de 10 moscas de cada tubo por tratamiento/sexo/cepa, con 3 repeticiones en 5 experimentos diferentes. En las moscas CS, la SP en las moscas fue reducida para las moscas alimentadas con los tratamientos, asociado a padecimientos relacionados con la obesidad y el síndrome metabólico. Además, puede existir un efecto sinérgico en la dieta MZ ya que fue de las que más afectó la SP en ambos sexos. El metabolismo de los machos hace que mueran antes que las hembras en el grupo control y los tratamientos. Sin embargo, las hembras son más susceptibles a los tratamientos. La sobreexpresión de citocromos en moscas OR resultó en protección dado que hubo un menor efecto de los tratamientos al comparar con el grupo control, tal vez explicado por el papel de algunos citocromos en el almacenamiento de lípidos y eliminación de especies reactivas de oxígeno. Por último, se concluye que los resultados se relacionan con posibles vías metabólicas afectadas por el exceso de carbohidratos y lípidos en el consumo temprano del desarrollo, y su relación con padecimientos generados por la obesidad, síndrome metabólico y estrés oxidativo.

EVALUACIÓN GENOTÓXICA DE AGUA Y SEDIMENTO DE LA PRESA DE ATLANGATEPEC EN AEROPUERTO

Hernández-Cervantes, E.¹, Rodríguez-Tlatelpa, L.C.¹, Pérez-Roldan, J.A.², Huelel-Soto, M.E.³, Sánchez-Alarcón, J.³, Valencia-Quintana, R.^{3*}

¹Licenciatura en Biología. ²Maestría en Ciencias en Gestión Integral de Cuencas Hidrográficas, Facultad de Agrobiología, UATx. Laboratorio de la Dirección Local Tlaxcala, CONAGUA. ³CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223, Red Temática de Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua, Laboratorio de Toxicología Genómica y Química Ambiental "Rafael Villalobos Pietrini" Facultad de Agrobiología. Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P.90120.

*prvq2004@yahoo.com.mx

En 1982 en las cercanías de la Presa de Atlangatepec, fue construido el Aeropuerto Nacional de Tlaxcala. Debido al fracaso del aeropuerto, SEDENA lo usó como base militar, convirtiéndose en la Estación Aérea Militar No. 9 (EAM-9). Actualmente el sitio es conocido como Aeropuerto y aparentemente no hay actividades antropogénicas; Sin embargo, se conoce que la presa ha sido fuertemente impactada por el cambio en el uso del suelo hacia actividades agrícolas y pecuarias. Por lo anterior, se sospecha que el humedal presenta problemas de contaminación que pueden ser determinados con análisis fisicoquímicos de rutina. Por otra parte, se ha demostrado que algunos contaminantes presentes en aguas superficiales tienen el potencial de dañar el ADN, por lo cual es importante evaluar la presencia de agentes genotóxicos en el agua y sedimentos de la presa. Para ello, además de análisis fisicoquímicos de rutina, se utilizó la prueba de micronúcleos (MN), en células meristemáticas de la raíz de *Vicia faba*, con el propósito de demostrar la presencia de agentes genotóxicos en el agua y sedimentos de la zona denominada Aeropuerto. Se tomaron muestras de estas dos matrices ambientales, exponiendo raíces de entre 2-3 cm a éstas durante 4 horas con 18 y 44 horas de recuperación. Como testigo negativo, las raíces fueron expuestas a agua destilada y a dicromato de potasio (0.05%), como testigo positivo. Después de elaborar las laminillas, de acuerdo con la técnica ya estandarizada, se registró la frecuencia de MN (%) en 5 laminillas por tratamiento y tiempo de exposición, en un microscopio óptico (1000 interfases por laminilla). Se aplicaron las pruebas estadísticas pertinentes, comparando la frecuencia de MN, entre el testigo y el grupo experimental. Los resultados con los sedimentos mostraron incrementos significativos respecto al testigo. En el caso del agua, las diferencias encontradas no fueron significativas. Esto sugiere que los sedimentos en la zona de Aeropuerto, en la presa de Atlangatepec se encuentran sustancias potencialmente genotóxicas lo cual representa un riesgo para los organismos expuestos.

INCORPORACIÓN DE GERMOPLASMA SILVESTRE (*Zea spp.*) PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE MAÍZ (*Zea mays* L.)

Corona-Sánchez, A.B.¹, De la Cruz-Larios, L.¹, Santacruz-Ruvalcaba, F.¹
Escoto-Delgadillo, M.¹, Rivera-Rodríguez, D.M.², Guerrero-Corona, A.³

¹Instituto para el Manejo y Aprovechamiento de los Recursos Fitogenéticos, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, km 15.5 carretera Guadalajara-Nogales, Las Agujas, Zapopan, Jalisco, México C.P. 45200.

²Instituto Tecnológico de Tlajomulco, Tecnológico Nacional de México, Km. 10 Carretera Tlajomulco-San Miguel Cuyutlán, Cto. Metropolitano Sur, Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco, México C.P. 45640. ³Instituto Tecnológico José Mario Molina Pasquel y Henríquez, Unidad Académica Cocula, Calle Tecnológico 1000, Lomas de Cocula, Cocula, Jalisco, C.P. 48501.

aberenice.corona@alumnos.udg.mx

Gracias a su parentesco con el maíz, el teocintle (*Zea spp.*) permite la realización de cruzamientos y la obtención de descendencia fértil, lo que genera mayor variabilidad en las nuevas plantas. El objetivo de la presente investigación consistió en evaluar híbridos simples y trilineales de maíz con germoplasma de teocintle. Se establecieron dos ensayos de evaluación bajo condiciones de temporal, durante los veranos de 2018 y 2019 con 60 híbridos no convencionales descritos a continuación: 20 híbridos simples formados a partir de las líneas LUG282 y CML311 en RC3S2 con germoplasma de 15 colectas sobresalientes de teocintle parviglumis, tres de mexicana, una de diploperennis y una de huehuetenanguensis y 40 híbridos trilineales, formados a partir de híbridos simples usados como progenitores femeninos de los cuales 20 fueron cruzados con la línea LUG03 y 20 con la línea LUG30, con 3.125% y 1.5625% de germoplasma de teocintle, respectivamente. Participaron como testigos los híbridos Berrendo, P3011W, 1135x1138 y LUG282xCML311 sin teocintle. Ambos ensayos compartieron la misma localidad en Zapopan, Jalisco. El diseño experimental utilizado consistió en un alfa látice de 8x8: 64 híbridos en 8 bloques incompletos y tres repeticiones. Se realizó el análisis de todas las variables evaluadas: Rendimiento, días a floración masculina/femenina, altura de planta/mazorca, acame de raíz/tallo, número de mazorcas por planta y porcentaje de mazorcas dañadas. Se realizaron análisis de varianza individuales y análisis combinado de los dos ciclos evaluados (proc GLM, SAS). En los casos en que se detectaron diferencias significativas en los análisis de varianza, o en la comparación de medias (LSMean) para rendimiento de grano y características agronómicas se realizó también la prueba de Dunnett (DMS, 0.01 %). El análisis de varianza combinado mostró que todas las variables evaluadas presentaron diferencias altamente significativas para todas las fuentes de variación (ambiente, repeticiones, bloques, híbrido, cruza, ambiente*híbrido, ambiente*cruza y densidad). Se identificaron poblaciones de parviglumis que incrementaron el rendimiento del grano, se observó mayor precocidad con diploperennis y huehuetenanguensis y mejoramiento de diferentes caracteres agronómicos con parviglumis y mesa central. Los híbridos simples, independientemente de la población utilizada, fueron superiores a los trilineales.

EFFECTO DE LA RADIACIÓN GAMMA SOBRE MERISTEMOS *IN VITRO* DE NOPAL VERDURA (*Opuntia* sp)

Rubio Ochoa, E.¹, Magaña Escobar, G.A.¹, Gómez Leyva, J.F.³, Portillo Martínez, P.⁴, Pérez Sánchez, R.E.², Martínez Flores, H.E.², García Saucedo, P.A.¹

¹Facultad de Agrobiología "Presidente Juárez", Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Paseo Lázaro Cárdenas, 2290, Emiliano Zapata, Melchor Ocampo 60170, Uruapan, Michoacán. ²Facultad de Químico Farmacobiología, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Tzintzuzan 173, Matamoros, 58240, Morelia, Michoacán. ³Instituto Tecnológico de Tlajomulco de Zúñiga, Km 10 Carr. Tlajomulco, Cto. Metropolitano Sur, 45640, Tlajomulco de Zúñiga, Jalisco.

⁴Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Km 15.5 Carr. Guadalajara-Nogales, Las Agujas, 44171, Zapopan, Jalisco.
erendira.rubio.ochoa@umsnh.mx

La mutagénesis da como resultados caracteres que impulsan la variabilidad de las especies y que se puede inducir mediante agentes mutágenos físicos como la radiación gamma, que ha sido aplicada en plantas frutales, medicinales y de ornato mejorando características nutricionales, resistencia a sequías, salinidad y enfermedades. Además, ha incorporado cultivos *in vitro* como material de partida, ya que facilitan el manejo de las condiciones fisicoquímicas y la obtención de un gran número de plántulas en cortos periodos de tiempo. Estas técnicas de fitomejoramiento son recomendadas en plantas con largos periodos juveniles y/o baja tasa de germinación de semillas, tal como las especies nopal (*Opuntia* spp). Por lo que el objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto de la radiación gamma sobre meristemos *in vitro* de nopal verdura (*Opuntia* sp). Para ello, se colectaron cladodios de nopal que fueron sometidos a un sistema de asepsia, se seccionaron y colocaron en medio MS con 30 g/L de sacarosa y 1.5 g/L de carbón activado. Los materiales fueron expuestos a quince diferentes dosis de radiación gamma (0-125 Gy) y transferidos a medio MS con 50 g/L de sacarosa y 1 mg/L de BA. Se evaluó el porcentaje de brotación y oxidación, la capacidad formadora de brotes (CPB) y dosis letal media (DL₅₀). De las plántulas obtenidas se registró el promedio del eje longitudinal, transversal y número de brotes. En los resultados se encontró 100 % de pérdida en los tratamientos comprendidos entre 50 y 125 Gy, en contraste tratamiento 5 Gy con 10 %, sin diferencias respecto al control (4 %). Para la brotación el tratamiento de 5 Gy mostró un 90 % sin diferencias respecto al T0 (96 %), no así los tratamientos entre 35 y 45 Gy con los menores valores (7-6 %), del mismo modo se observó una reducción del promedio de brotes por explante y CFB, ante dosis superiores a 35 Gy, mientras la DL₅₀ se calculó a 23 Gy, lo que concuerda con lo reportado para otras especies, además que se sentó el primer precedente de radiosensibilidad a radiación gamma en meristemos de nopal verdura (*Opuntia* sp).

EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE LA QUERCETINA EN LA PRUEBA SMART EN ALA DE *Drosophila melanogaster*

Valderrábano-Franco, M.A., Heres y Pulido, M.E.I., Dueñas-García, I.E., Castañeda-Partida, L., Durán-Díaz, A., Santos-Cruz, L.F.

Laboratorio de Genética Toxicológica, FES Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México. Los Barrios No. 1, Los Reyes Iztacala, C.P. 54090, Tlalnepantla, Estado de México, México. neladiaem@gmail.com

La quercetina es el flavonoide más consumido en el mundo debido a su abundancia en frutas, verduras y otros alimentos; es reconocido por su gran capacidad antioxidante, sin embargo, también existen reportes de que en ciertas condiciones puede volverse prooxidante pudiendo causar daños genéticos. Por lo cual, el objetivo de este trabajo fue evaluar la genotoxicidad de la quercetina mediante la prueba SMART en ala de *D. melanogaster* que permite detectar agentes genotóxicos de forma rápida y económica. Para ello, se realizaron dos cruza, estándar (CE) y de bioactivación elevada (CBE) que difieren en la expresión de los CYP450; las larvas de ambas cruza fueron alimentadas con 5 concentraciones de quercetina (0.38, 0.19, 0.095, 0.047 y 0.023 Mm), agua MiliQ, acetona-etanol (2%), Vitamina C (5.6 mM) o 4NQO (2 mM). A los adultos procedentes de las larvas tratadas se les diseccionaron las alas y colocaron en preparaciones permanentes, para su observación en microscopio a 40x, donde se obtuvieron las frecuencias de cada tipo de mancha por tratamiento, y se compararon mediante el programa informático SMART PC-versión 2.1 basado en la prueba de Kastenbaum-Bowman ($p < 0.05$), la prueba de U de Mann-Whitney ($p < 0.05$) y la prueba de Kolmogorov-Smirnov ($p < 0.05$). Los resultados obtenidos mostraron que en la CE la quercetina no fue genotóxica a ninguna concentración, debido a su capacidad antioxidante. En cambio, en la CBE se encontró daño genotóxico, que pudo deberse a que la quercetina es capaz de auto-oxidarse en anión superóxido y de interferir con la actividad de los CYP450. Finalmente, en ambas cruza se encontró efecto citotóxico probablemente provocado por la activación enzimática de quercetina que produce o-semiquinona y o-quinona, las cuales facilitan la formación de superóxidos y H_2O_2 . En conclusión, la quercetina sólo causó genotoxicidad en la CBE reconociendo así la participación de los CYP450 en dicho efecto; mientras que, en ambas cruza provocó citotoxicidad.

GENOTOXICIDAD DEL HERBICIDA MARVEL EN ERITROCITOS DE *Oreochromis niloticus* Y EN LINFOCITOS HUMANOS Y DE RATÓN BALB-C

Reynoso-Silva, M.* , Alvarez-Moya, C.

¹Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Departamento de Biología Celular y Molecular, CUCBA, Universidad de Guadalajara. Camino Ramón Padilla Sánchez No. 2100 Nextipac. Zapopan, Jalisco, México. C.P.45200.

*monica.reynoso@cucba.udg.mx

En los últimos años, el herbicida Marvel ha sido utilizado para incrementar la producción de cultivos, sin embargo, existen estudios que evidencian la genotoxicidad de sus componentes, dicamba y atrazina. Se evaluó la actividad genotóxica de varias concentraciones del herbicida marvel: 0.76, 7.68, 76.8, 768 $\mu\text{g}/1$ ml en linfocitos humanos y de ratones cepa Balb-c y eritrocitos de tilapia (*Oreochromis niloticus*). Se expusieron a cada una de las concentraciones durante 6 horas y luego se evaluó daño genético mediante el ensayo cometa. Todas las concentraciones probadas indujeron un daño genético significativo en comparación con el control negativo ($P < 0,01$). No hubo diferencias entre las células sanguíneas de los organismos estudiados. La longitud de la cola y el momento de la cola aumentaron a partir de 0,76 $\mu\text{g}/1$ ml, esta es la concentración más baja reportada capaz de producir daño genético. Los datos sugieren que las diferencias reportadas con respecto a la genotoxicidad de marvel y sus ingredientes activos se deben a las marcadas diferencias entre las concentraciones estudiadas y los adyuvantes presentes en las formulaciones comerciales.

EFFECTO ANTIGENOTÓXICO DEL ÁCIDO ASCÓRBICO Y RESVERATROL EN ERITROCITOS DE *Ambystoma mexicanum*, *Oreochromis niloticus* Y LINFOCITOS HUMANOS EXPUESTOS A GLIFOSATO

Reynoso-Silva, M., Álvarez-Moya C.*

Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Departamento de Biología Celular y Molecular, CUCBA, Universidad de Guadalajara. Camino Ramón Padilla Sánchez No. 2100 Nextipac. Zapopan, Jalisco, México. C.P.45200.

*calvarez@cucba.udg.mx

El glifosato es un herbicida controversial y se ha reportado su genotoxicidad y presencia en diversos ecosistemas. El uso de ácido ascórbico y resveratrol podría proteger a diferentes organismos del daño genético inducido por el glifosato. Se evaluó el daño genético específico inducido por glifosato en eritrocitos de *Oreochromis niloticus*, *Ambystoma mexicanum* y linfocitos humanos. Simultáneamente se evaluó la capacidad antigenotóxica de varias concentraciones de ácido ascórbico y resveratrol mediante protocolos de pretratamiento y tratamiento simultáneo. La actividad genotóxica del glifosato fue evidente y significativa ($p < 0.05$) en linfocitos humanos y en eritrocitos de las especies estudiadas y podría causar estabilidad genómica en estas poblaciones. La reducción del daño genético observada en linfocitos humanos expuestos a altas concentraciones de glifosato no es real: el daño genético excesivo se asoció con una longitud de migración de cola excesiva e indetectable. Se observó un efecto antigenotóxico significativo ($p < 0.05$) del ácido ascórbico y el resveratrol en todas las concentraciones, organismos y protocolos utilizados. Tanto el ácido ascórbico como el resveratrol juegan un papel importante en el mantenimiento de la integridad del ADN. El ácido ascórbico en *Oreochromis niloticus*, *Ambystoma mexicanum* redujo el daño genético inducido por glifosato a un nivel basal. Por lo tanto, nuestros datos indican que estos antioxidantes podrían ayudar a preservar la integridad del ADN de los organismos expuestos al glifosato. El consumo de antioxidantes es una herramienta útil contra la genotoxicidad del glifosato.

ESTIMACIÓN DE FRECUENCIAS ALELICAS DE GENES ASOCIADOS A ENFERMEDADES HEREDITARIAS RECESIVAS (BLAD, BC, FXID Y CVM) EN VACAS HOLSTEIN DE CUATRO HATOS DE JALISCO

Virgen-Méndez, A.¹, Ayala-Valdovinos, M.A.^{1*}, Galindo-García, J.¹,
Sánchez-Chiprés, D.R.¹, Lemus-Flores, C.², Duifhuis-Rivera, T.¹

¹Departamento de Producción Animal, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, División de Ciencias Veterinarias, Universidad de Guadalajara, Camino Ramón Padilla Sánchez 2100, Nextipac, Zapopan, Jal. C.P. 44600, México.

²Laboratorio de Genética Molecular, Universidad Autónoma de Nayarit, Carretera Tepic-Compostela Km 9, Xalisco, Nayarit, México.

*manayala@cucba.udg.mx

Los trastornos hereditarios autosómicos recesivos de la citrulinemia bovina (BC), la deficiencia de adhesión de leucocitos bovinos (BLAD), la deficiencia del factor XI (FXID) y la malformación vertebral compleja (CVM) han afectado significativamente la cría de ganado lechero en todo el mundo. Este estudio examinó la frecuencia de portadores de los trastornos autosómicos recesivos BC, BLAD, FXID y CVM en vacas *Bos taurus* Holstein criadas en la región Altos Norte del estado de Jalisco, México. Extrajimos ADN de 408 muestras aleatorias de sangre periférica y luego usamos la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para identificar mutaciones de inserción para FXID y PCR con polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción (PCR-RFLP) para CVM, BC y BLAD. Visualizamos los productos de la PCR mediante electroforesis en gel de agarosa teñida con GelRed®. Encontramos que el 100 % de los animales fueron homocigotos de tipo silvestre (N/N) para los genes *CD18*, *ASS* y *FXI* siendo libres de las mutaciones para BLAD, BC y FXID, respectivamente. Para la mutación *SLC35A3*, asociada al trastorno hereditario CVM estimamos una frecuencia total de portadores de 10,3 % y una frecuencia alélica del 5 %. Los alelos FXID, BC, BLAD y CVM han sido reportados en diferentes países de América, Asia y Europa. Sin embargo, este estudio parece ser el primero en reportar su frecuencia alélica en ganado Holstein ubicado en Jalisco, México. La nula presencia de las mutaciones para BLAD, BC y FXID en este estudio, confirma que el esfuerzo de otros países por contrarrestar el impacto de estas mutaciones perjudiciales, han influido de manera positiva en la ganadería de México debido a que el germoplasma de ganado Holstein en su mayoría es importado de E.U.A y Canadá, países en donde se llevan programas de selección contra estas enfermedades. Sin embargo, la presencia de portadores de CVM (10.3%) en este estudio exhibe la necesidad de genotipificar animales reproductores, con el fin de identificar portadores de alelos mutantes causantes de enfermedades hereditarias, siendo la selección molecular un criterio eficaz para obtener un futuro pie de cría libre de la presencia de estos alelos deletéreos.

FRECUENCIAS ALÉLICAS DE LOS POLIMORFISMOS β -LG, CAPN4751, CAST, CSN2, CSN3 Y GH EN UN HATO DE LA RAZA SARDO NEGRO DEL ESTADO DE COLIMA

Galindo-Hernández, A.F.¹, Ayala-Valdovinos, M.A.¹, Duifhuis-Rivera, T.¹, Galindo-García, J.¹, Valencia-Posadas, M.², Macedo-Barragán, R. J.³

¹Departamento de Producción Animal, Instituto de Biotecnología Animal, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara (CUCBA). aldo.galindo2027@alumnos.udg.mx

²Departamento de Veterinaria y Zootecnia, División de Ciencias de la Vida, Universidad de Guanajuato, Campus Irapuato Salamanca, Irapuato, Guanajuato, México

³Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Colima

La ganadería bovina de doble propósito es una pieza fundamental en el contexto socioeconómico y representa una fuente importante de empleo y seguridad alimentaria en México. De modo que existe un gran interés dirigido a la búsqueda de marcadores moleculares asociados características de calidad en ganado cárnico y lechero. Esta investigación tuvo como objetivo estimar las frecuencias genotípicas y alélicas de los marcadores β -LG, GH, CSN2 y CSN3 previamente asociados a aspectos de crecimiento y producción de leche. Asimismo, estimar las frecuencias de los genes asociados a la ternera de la carne CAPN4751 y CAST en un hato de ganado cebú de la raza Sardo Negro. Para esto, fue extraído DNA de muestras sanguíneas de 80 animales para el genotipado mediante el método de Reacción en Cadena de la Polimerasa y Polimorfismos en la Longitud de Fragmentos de Restricción (PCR-RFLP). El sitio g.88532332A>C del locus CSN3 evidenció los alelos A y B, con frecuencias alélicas de 0.93 y 0.07, respectivamente, y frecuencias genotípicas de 0.85 (AA) y 0.15 (AB). Para el sitio g.2141C>G del locus GH, la población índica evaluada resultó ser monomórfica (solo el alelo L). Para el locus β -LG, el hato presentó los alelos A y B, con frecuencias alélicas de 0.14 y 0.86, respectivamente, y genotípicas de 0.03 (AA), 0.24 (AB) y 0.74 (BB). El locus CSN2 evidenció los alelos A2 y A1, con frecuencias alélicas de 0.99 y 0.01, respectivamente, y genotípicas de 0.03 (A1A2) y 0.97 (A2A2). El sitio CAPN4751 presentó los alelos T y C, con frecuencias alélicas de 0.83 (T) y 0.17 (C), y genotípicas de 0.03 (CC), 0.29 (TC) y 0.69 (TT). Para el marcador CAST se reportaron frecuencias alélicas de 0.76 (A) y 0.24 (G), y genotípicas de 0.15 (GG), 0.18 (AG) y 0.68 (AA). Una selección a favor de los alelos favorables en los locus evaluados podría representar una estrategia práctica y completa para aumentar su frecuencia en la población y mejorar la calidad de la carne y la predisposición láctea en ganado bovino de doble propósito.

LA MUTACIÓN 18:25527339 DEL GEN *COQ9* Y SU ASOCIACIÓN CON EL DESEMPEÑO REPRODUCTIVO EN GANADO LECHERO HOLSTEIN

Michel-Regalado, N.G.¹, Ayala-Valdovinos, M.A.^{1*}, Galindo-García, J.¹, Duifhuis-Rivera, T.¹, Sánchez-Chiprés, D.R.,¹, Valencia-Posadas, M.²

¹ Departamento de Producción Animal, División de Ciencias Veterinarias, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, Guadalajara, Jalisco, México. ² Departamento de Veterinaria y Zootecnia, División de Ciencias de la Vida, Universidad de Guanajuato, Campus Irapuato Salamanca, Irapuato, Guanajuato, México.

nestor.michel@academicos.udg.mx

La selección del ganado lechero para aumentar la producción de leche ha ocasionado una disminución significativa en el desempeño reproductivo de los hatos lecheros, por lo que identificar la asociación entre las variantes polimórficas de los genes implicados en los procesos reproductivos y los rasgos fenotípicos permite utilizar estrategias de selección asistida por marcadores moleculares con el fin de mejorar la productividad animal. La coenzima Q9 es una molécula precursora de la coenzima Q, la cual es componente de la cadena de transporte de electrones realizada en la mitocondria para producir ATP. El polimorfismo 18:25527339 del gen *COQ9* en el ganado Holstein se caracteriza por una sustitución de guanina (alelo G) por adenina (alelo A). En estudios previos se ha asociado el alelo A con un mejor desempeño reproductivo, particularmente para los parámetros: tasa de preñez al primer servicio, intervalo del parto a la concepción (IPC) y número de servicios por concepción (NSC). El objetivo del presente trabajo fue determinar la relación del polimorfismo 18:25527339 del gen *COQ9* con los parámetros reproductivos: intervalo del parto al primer celo (IPPC), IPC y NSC, para lo cual se tomaron 112 muestras de sangre de vacas lactantes Holstein para su genotipificación por medio de PCR-RFLP. Para estimar la asociación de los genotipos con los parámetros reproductivos se utilizó un modelo lineal de efectos mixtos. La proporción de genotipos encontrados fue de 18.3%, 56.2% y 25.5% para AA, AG y GG, respectivamente. Las frecuencias génicas fueron 46.4% y 53.6% para los alelos A y G, respectivamente. El genotipo AG se asoció significativamente con un menor NSC ($P < 0.05$). Los resultados encontrados sugieren que el polimorfismo 18:25527339 del gen *COQ9* puede ser de utilidad en posteriores estudios como un marcador de selección para mejorar el desempeño reproductivo en los establos lecheros.

***Drosophila melanogaster* COMO MODELO BIOLÓGICO PARA ESTUDIAR LA TERATOGENÉISIS**

Hernández Calderón, M.L.L.^{1*}, Chávez Reyes, A.¹, Martínez Espinosa, N.S.¹, Plata Franco, M.A.¹, Díaz-Barriga Arceo, S.^{1,2}

¹Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, UNAM. Departamento de Ciencias Biológicas. Laboratorio de Citogenética Humana y ²Lab 9 UIM. sadibar@gmail.com

Se define como teratogénesis o dismorfogénesis a la alteración morfológica, bioquímica o funcional, inducida durante el embarazo que es detectada durante la gestación, en el nacimiento o con posterioridad. Históricamente, los roedores han constituido el modelo por excelencia para el estudio del proceso teratogénico, sin embargo, debido a los lineamientos bioéticos que rigen el uso de este modelo biológico se están buscando alternativas para sustituirlos y *Drosophila melanogaster* representa uno de los modelos más prometedores. El presente trabajo tuvo como objetivo demostrar que *D. melanogaster* constituye un buen modelo biológico para estudiar el proceso teratogénico en función de que se sabe que este insecto comparte casi un 75% de homología génica con el humano y esto hace que pueda ser extrapolable a nuestra población. Con el fin de lograr este objetivo se probaron tres metodologías para evaluar teratogénesis y se adaptaron al modelo de la mosca de la fruta, utilizando como xenobióticos de prueba los fármacos antiepilépticos lamotrigina (0.25, 0.5 y 1 mg/mL), ácido valproico (1.5, 3, 5 y 10 mg/mL) y topiramato (0.125, 0.25, 0.5, 1 mg/mL). Dichas metodologías consistieron en evaluar malformaciones fenotípicas en adultos, patrones de movimiento de larvas de tercer estadio sobre placas de agarosa y los patrones de movimientos de adultos. Los resultados mostraron que mediante las tres técnicas evaluadas fue posible detectar alteraciones morfológicas y conductuales en las moscas además de ser evidente el impacto sobre la viabilidad larva 3-adulto, por lo que se puede concluir que el modelo es viable para el estudio del efecto teratogénico de los antiepilépticos.

POLIMORFISMOS DE GENES ASOCIADOS A ESTADOS PROINFLAMATORIOS E HIPERCOAGULABLES EN PACIENTES CON ENFERMEDAD DE LEGG-CALVE-PERTHES

Rodríguez Olivas, A.O.^{1,2}, Hernández-Zamora, E.^{2*}, Casas-Ávila, L.², Rosales-Cruz, E.¹, Galicia-Alvarado, M.A.³, Zavala-Hernández, C.⁴, Morales-Osorio, M.G.⁵, Meneses-Peñaloza, A.⁵, Redón Tavera, A.^{6†}, Valdés Flores, M.^{2†}, Reyes-Maldonado E.¹

¹Departamento Morfología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional. ²Medicina Genómica, ³Neurociencias Clínicas, ⁴Laboratorio Central de Patología Clínica, ⁵Malformaciones congénitas y ⁶Clínica de cadera pediátrica, Instituto Nacional de Rehabilitación (INR). Ciudad de México, México. † q.e.p.d.

*edgarhz1969@yahoo.com.mx

La Enfermedad de Legg-Calvé-Perthes (ELCP) es una enfermedad rara, por su baja incidencia (0.2 a 19.9 casos por 100,000 habitantes) y etiología desconocida. Es una osteonecrosis avascular provocada por alteraciones en la circulación, con interrupción efectiva en el suministro de sangre, uni o bilateral, en la cabeza femoral; con colapso epifisario, deformidad, riesgo de coxartrosis temprana y limitación en el rango de movimiento de la cadera. Afecta a niños de 4-10 años (4/1 niños/niñas) que refieren dolor en la extremidad afectada, durante y después de la actividad física, así como marcha claudicante. Es bien aceptado por múltiples estudios que factores genéticos, metabólicos y ambientales podrían influir en el padecimiento de la ELCP, entre ellos disturbios en la hemostasia y la inflamación parecen tener un papel central en la etiología. el objetivo de este estudio es buscar la presencia de factores genéticos y metabólicos presentes en una población de pacientes sufren de ELCP, para esto fueron estudiados diferentes marcadores hemostáticos y diferentes polimorfismos relacionados a la ELCP y/o Osteonecrosis de la cabeza femoral. Fueron reclutados un total de 23 pacientes y 46 controles sanos pareados por sexo edad talla y peso, el grupo de pacientes incluyo un total de 21 varones y solo 2 mujeres y 3 casos bilaterales. Se presentaron diferencias significativas entre grupos en la actividad del FV ($P < 0.05$), FIX ($P < 0.05$) y concentración de Homocisteína ($P < 0.05$), así como en los datos crudos del polimorfismo FIX Malmo ($P < 0.05$), además la tendencia a aumentar el riesgo de padecer ELCP al ser portador de alguna o algunas variantes genéticas relacionadas a la inflamación, nuestro resultados muestran que la presencia de la mutación del FIX Malmo, así como variaciones génicas proinflamatorias podría influir en la presencia de la ELCP, tomados en conjunto estos datos apoyan las teorías en donde se proponen a factores genéticos y metabólicos como probables agentes etiológicos, por lo cual proponemos a la hemostasia e inflamación como posibles blancos terapéuticos en la ELCP.

HIBRIDACIÓN GENÓMICA COMPARATIVA Y ANÁLISIS DEL TRANSCRIPTOMA EN PACIENTES Y LÍNEAS CELULARES DERIVADAS DE LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA

Zapata-García, J.A.^{1,2}, Riveros-Magaña, A.R.^{3,4}, Jave-Suárez, L.F.²,
Aguilar-Lemarroy, A.^{2*}

¹Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara. ²División de Inmunología, Centro de Investigación Biomédica de Occidente (CIBO), Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS), Guadalajara, Jalisco, ³Centro Universitario del Sur, Universidad de Guadalajara.

⁴Hospital General Zona 9, Zapotlán el Grande, Jalisco.
adry.aguilar.lemarroy@gmail.com;

La leucemia linfoblástica aguda (LLA), surge por la incapacidad de las células troncales hematopoyéticas para diferenciarse adecuadamente, generando una proliferación descontrolada de blastos. Una de sus principales características es la inestabilidad genómica, que involucra aberraciones estructurales y numéricas. La identificación de estas alteraciones ha sido de gran utilidad en la clínica como marcadores pronósticos, es por ello que el objetivo de este trabajo fue identificar genes presentes en las regiones de ganancias cromosómicas más frecuentes en células derivadas de leucemia, validar su expresión a nivel de mRNA y correlacionar con la sobrevida. Para lo anterior, se realizaron microarreglos de hibridación genómica comparativa (resolución de 3x720K-Agilent), de las líneas celulares JURKAT y CEM, así como de médula ósea de diez individuos con LLA vírgenes de tratamiento. Una vez identificados los genes presentes en las regiones con ganancias cromosómicas más frecuentes, se evaluó su expresión mediante análisis de RNAseq y/o microarreglos de expresión. Los cromosomas con ganancias comunes que se mantuvieron en seis o más muestras, fueron el 14, 17 y 22, en los que se identificaron un total de 22 genes. De estos, en NT5C3B, CNP, ACLY y GNB1L se confirmó una sobreexpresión a nivel de mRNA, y particularmente SALL2 mantuvo una mayor expresión en LLA de linaje T, mientras que JUP en LLA de linaje B. Finalmente, se evaluó la correlación entre la alta expresión de cada uno de estos genes con la supervivencia global y se determinó que JUP se asocia con una peor probabilidad de supervivencia en pacientes LLA-B. Estos hallazgos constituyen un excitante y fértil campo de investigación; ya que algunos de estos genes aún no han sido estudiados en el contexto del cáncer o la LLA, por lo que seguir profundizando en su estudio es de relevancia clínica.

EFFECTO DE LA MUTACIÓN EN DNMT3A Y TET2 EN EL ESTADO DE METILACIÓN DE PROMOTORES GÉNICOS DE PACIENTES CON LEUCEMIA MIELOIDE AGUDA

Ponciano Gómez, J.A.¹, Martínez Tovar, A.², Vela Ojeda, J.³, Olarte Carrillo, I.², Centeno Cruz, F.⁴, Garrido, E.⁵

¹Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, Tlalnepantla, Edo. México;
²Departamento de Biología Molecular, Servicio de Hematología, Hospital General de México, "Dr. Eduardo Liceaga," CDMX. ³Banco de Cordón Umbilical, Centro Médico Nacional "La Raza", IMSS, CDMX. ⁴Laboratorio de Inmunogenómica y Enfermedades Metabólicas, INMG, CDMX. ⁵Departamento de Genética y Biología Molecular, CINVESTAV-IPN, CDMX. alberto_ponciano@comunidad.unam.mx

La leucemia mieloide aguda (LMA) se caracteriza por su alta heterogeneidad tanto biológica como clínica, lo cual representa una importante barrera para el desarrollo de una clasificación precisa y una terapia adecuada. La investigación de alteraciones genéticas y más epigenéticas, es fundamental para definir el origen y pronóstico. Las aberraciones epigenéticas juegan un papel central en la fisiopatología de la LMA, pero además los patrones de metilación del DNA (DNAm) pueden ser útiles para una mejor clasificación de la enfermedad. Analizamos el impacto de las mutaciones de los genes DNMT3A y TET2, su nivel de expresión, actividad enzimática en el patrón de metilación de promotores génicos y la relación de este con la supervivencia. Se estudiaron muestras de sangre periférica de 110 pacientes con LMA de novo y 15 individuos control. El contenido global de metilcitosina e hidroximetilcitosina, fue determinado a partir del DNA genómico de leucocitos de sangre periférica (LSP). La expresión de DNMT3A y TET2 fue evaluada mediante RT-qPCR. Se secuenció la región del gen DNMT3A que contiene el hotspot R882A y del gen TET2 del exón 6 a 10. Se evaluó el patrón de metilación de 18 promotores génicos particulares mediante pirosecuenciación después de la conversión del DNA con bisulfito de sodio, y sus niveles de expresión transcripcional fueron evaluados por RT-qPCR. Los pacientes con LMA manifiestan niveles alterados de 5mC y 5hmC en LSP y una expresión altamente variable de los transcritos de DNMT3A y TET2. Encontramos una prevalencia de mutación del 2.7% para DNMT3A y del 11.8% para TET2 en la población mexicana con esta enfermedad, se encontraron patrones de metilación irregulares que correlacionan con cambios en la expresión de los 18 genes evaluados. Las mutaciones evaluadas tienen un impacto en la supervivencia de los pacientes con LMA, ya que los individuos con mutaciones en DNMT3A (mDNMT3a) fue de solo 4 meses en comparación a los 22 en los individuos control. Esto podría estar relacionado con los cambios en el patrón de metilación y expresión de los genes evaluados, los cuales están relacionados con el origen y progresión de la LMA.

MODIFICACIONES TRANSCRIPCIONALES DE MOLÉCULAS INVOLUCRADAS EN INFLAMACIÓN DEL HÍGADO DE CONEJO (*Oryctolagus cuniculus*) GENERADO POR DIETA ENRIQUECIDA CON ÁCIDO PALMÍTICO

Sigrist Flores, S.C.¹, Ponciano Gómez, J.A.¹, Campos Aguilar, M.¹, Saucedo Campos, A.D.^{1,2}, Gallardo Ortiz, I.A.¹, Villalobos Molina, R.¹, Méndez Cruz, A.R.¹, Jiménez Flores, J.R.*

¹Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Mex. ²Hospital Regional Tlalnepantla ISSEMyM, Av. Paseo del Ferrocarril No. 88, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Méx.

jrjf@unam.mx

La enfermedad de hígado graso no alcohólico (EHGNA) es la causa más común de enfermedad hepática crónica, esta enfermedad es asociada con la obesidad y el síndrome metabólico, un grupo de pacientes que desarrollan esta patología en ausencia de obesidad, los mecanismos subyacentes son poco conocidos. Investigamos los eventos tempranos en la patogenia de EHGNA en ausencia de obesidad, analizando el impacto de la ingesta crónica (6 y 12 meses) de una dieta adicionada moderadamente (3%) con ácido palmítico (PA) y la ingesta aguda (20%) de PA por 3 meses, en la acumulación de lípidos hepáticos y su relación con inflamación. Se evaluó el peso corporal, parámetros bioquímicos y de función hepática. En tejido hepático se analizaron mediante histología la acumulación de lípidos y con RT-qPCR la expresión de los genes relacionados con la inflamación IL-1 β , IL-6, IL-10, IL13, IL-18, Cox-2, TNF α y TLR-4 y el gen relacionado con el estrés oxidativo Nrf-2. El consumo crónico de 3% de PA no generó cambios en los parámetros bioquímicos y de función hepática, pero induce acumulación de lípidos en el hígado que se relacionó con el desarrollo de inflamación de bajo grado caracterizada por la regulación al alza de TNF α , IL-13 e IL-18, seguida de la sobreexpresión de COX2 y TLR 4. La ingesta de 20% de PA indujo sobrepeso y alteraciones en los parámetros bioquímicos, acompañadas de inflamación mediada por IL-1 β , IL-6, IL-18, TNF α , TLR-4 y Cox-2 en un tiempo más corto. En ambos grupos, se indujo el factor de transcripción antioxidante Nrf-2. Demostrando que la ingesta crónica de cantidades moderadas de PA induce inflamación crónica y que la esteatosis hepática fue una consecuencia temprana, acompañada de una respuesta inmune por IL-18, TNF α e IL-13, y la producción de Nrf2; respuesta con posible efecto protector que impidieron el desarrollo de trastornos metabólicos. En la ingesta excesiva de PA, estos mecanismos fueron menos eficientes para retrasar el inicio de las alteraciones metabólicas. Los conejos alimentados con 3% o 20% de PA pueden usarse como modelos de EHGNA en grupos no obesos y obesos, especialmente en las etapas iniciales de la enfermedad.

DISEÑO *IN SILICO* PARA LA INDUCCIÓN DE MUTACIONES EN LA SUBUNIDAD DEL PROTEASOMA 26S CODIFICADA POR EL GEN *RPT5* USANDO CRISPR/CAS9, EN *Drosophila melanogaster*

Vargas-Sánchez, D.I.¹, Hernández-Vargas, R.^{2*}, Sánchez-Díaz, I.²,
Reynaud-Garza, E.²

¹Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México. Av. De Los Barrios N° 1. Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, Edo. De México. C. P. 54090.

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

Avenida Universidad N° 2001, Chamilpa, Cuernavaca, Morelos. C. P. 62210. México.

*reneh@ibt.unam.mx

Drosophila melanogaster o mosca de la fruta es uno de los mejores modelos de estudio para entender patologías humanas, tales como las enfermedades neurodegenerativas, en particular la enfermedad de Parkinson (EP), la cual se caracteriza por síntomas motores como el temblor de reposo, y síntomas no motores como trastornos del sueño o pérdida del olfato. Igualmente, se ha reportado que algunas subunidades del proteasoma están involucradas en la evolución de esta enfermedad. El gen PSMC3, el cual tiene su ortólogo en la mosca de fruta (gen Rpt5) y codifica para una de estas subunidades. Por lo que se diseñaron *in silico*, utilizando el programa Serial Cloner v.2.6, cuatro RNAs guía (gRNAs), con el objetivo de utilizar el sistema CRISPR/Cas9, para eliminar el marco abierto de lectura en dicho gen (delección completa o parcial del mismo). Además, se realizó la construcción y diseño *in silico* de secuencias homólogas para inducir la recombinación e introducir un "knock-in" en este gen, dichas secuencias codifican para la proteína de etiqueta fluorescente mCherry, la etiqueta de polihistidinas y el marco de lectura del factor de transcripción Gal4. Por otra parte, se realizó el diseño *in silico* de inserciones mediante el método de CRISPaint para *D. melanogaster*, con plásmidos donadores de la proteína fluorescente verde y el factor de transcripción Gal4. Este trabajo se presenta como una exploración del potencial del sistema CRISPR/Cas9 para llevar a cabo proyectos que involucren modificaciones complejas del genoma de organismos experimentales para estudiar la expresión y la función genética en procesos biológicos complejos.

CONCEPTO DE MUTACIÓN EN ALUMNOS DE NIVEL MEDIO SUPERIOR PARA LA COMPRESIÓN DE LA TEORÍA SINTÉTICA EVOLUTIVA

Gutiérrez-Carrillo, G.A.¹, Gómez Clavel, J.F.², Silva Rodríguez, A.³,
Dueñas-García, I.E.^{4*}

¹Colegio de Ciencias y Humanidades Plantel Azcapotzalco-UNAM; ²Laboratorio de Investigación en Educación y Odontología, FES-Iztacala-UNAM, ³Laboratorio de Evaluación y Educación Digital LEED, FES-Iztacala-UNAM, ⁴Laboratorio de Genética Toxicológica, FES-Iztacala UNAM. griselda.gutiérrez@cch.unam.mx

Diversas investigaciones educativas sobre cómo afectan las creencias o ideas previas de los alumnos, han mostrado las dificultades que tienen los estudiantes para comprender la Evolución Biológica, debido a diferentes razones, tales como el escaso manejo de conceptos de genética básica (DNA, gen, alelo, mutación, fenotipo, genotipo y herencia), la influencia de la ciencia ficción que emplea estos términos de manera errónea, las ideas teleológicas y la representación de este fenómeno mediante imágenes simplificadas. La enseñanza de la ciencia consiste en promover un cambio en dichas ideas y representaciones, con el fin de acercarlas progresivamente al entramado conceptual y sistemático del conocimiento científico. El presente trabajo tuvo como objetivo identificar las ideas sobre el concepto de Mutación en alumnos de tercer semestre del nivel medio superior del CCH-Azcapotzalco. Para ello se realizó una investigación cualitativa, en donde se aplicó un cuestionario tipo Likert, antes (pre-test) y después (post-test) de que se explicara a los alumnos el concepto de Mutación. Se identificaron cinco categorías de dicho cuestionario relacionadas con el concepto de Mutación: a) Variación genética, b) Herencia, c) Pre-adaptación, d) Post-Adaptación, e) Influencia de la ciencia ficción. Los alumnos reconocen a las Mutaciones como fuente de variación genética, que son la materia prima de la evolución y que confieren a los organismos características ventajosas o no de acuerdo con su ambiente. Sin embargo, aún permanece la idea de que los organismos adquieren características cuando éstos se exponen a su ambiente. Por último, no comparten las ideas que la ciencia ficción relaciona con las Mutaciones, como su origen, la transmisión y sus consecuencias. Son múltiples los obstáculos que frenan la comprensión de la Teoría Sintética Evolutiva, las preconcepciones construidas en la población en general y que en ocasiones pueden reafirmarse en el aula, junto con la ausencia de las bases genéticas para comprender dicho fenómeno no están desligadas; inclusive hay cierto grado de causa y efecto, es decir, si no se comprenden las bases conceptuales de la Genética se pueden llegar a reafirmar, las ya comunes preconcepciones construidas.

MODIFICACIONES TRANSCRIPCIONALES EN INTESTINO MEDIO DE *Drosophila melanogaster* POR UNA DIETA ADICIONADA CON ÁCIDO PALMÍTICO Y FRUCTOSA

Campos Aguilar, M.¹, Ponciano Gómez J.A.¹, Jiménez Flores, J.R.¹, Heres y Pulido, M.E.I.², Dueñas García, I.E.², Castañeda Partida, L.², Santos Cruz, L.F.², Villalobos Molina, R.³, Gallardo Ortiz, I.A.³, Saucedo Campos, A.D.^{1,4}, Sigrist Flores, S.C.^{1*}

¹Laboratorio de Inmunología, Unidad de Morfología y Función, ²Genetic Toxicology, Biology, ³Unidad de Biomedicina, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, Estado de México. ⁴Hospital Regional de Tlalnepantla, ISSEMyM, Estado de México.
*sigrist_fsc@hotmail.com

Uno de los principales problemas asociados con aumento en el consumo de alimentos procesados, es la alta ingesta de ácido palmítico y fructosa que, junto con el sedentarismo provoca alteraciones metabólicas como el síndrome metabólico (SM). El SM es capaz de provocar múltiples alteraciones de tejidos, órganos y particularmente del sistema cardiovascular. Recientemente se ha asociado al SM con el aumento en el riesgo de cáncer gastrointestinal (GI), por lo que la cuantificación de factores metabólicos y genéticos pueden servir como predictores para identificar poblaciones de riesgo. El perfilado transcriptómico en tejidos específicos permite identificar modificaciones metabólicas, para ello es necesario usar un modelo como *Drosophila melanogaster*, particularmente útil ya que contiene todos los órganos, tejidos y sistemas análogos asociados a enfermedades metabólicas en humanos. Determinar patrones en la expresión transcripcional relacionados con una alimentación adicionada con ácido palmítico y fructosa en intestino medio de larvas de *Drosophila melanogaster*. Se cultivaron larvas de *Drosophila melanogaster*, alimentadas con una dieta adicionada en ácido palmítico (2%) (PD), fructosa (2%) (FD), la mezcla de ambos (MD) y con una dieta estándar (ND); de las larvas se aisló el intestino medio y se extrajo RNA total para después secuenciar y construir el perfilado transcriptómico. Del perfilado transcriptómico y el análisis de expresión diferencial entre los grupos PD y ND; FD y ND, y MD y ND encontramos 54 transcritos exclusivos para PD, 171 para FD y 40 para MD; de los 7212 transcritos compartidos en ambas dietas. Se encontraron 2884 transcritos regulados a la alza y 2729 regulados a la baja en suma de todas las dietas, los cuales participan en vías metabólicas importantes, como: fosforilación oxidativa, spliceosoma, metabolismo de esfingolípidos y el metabolismo de fármacos. Una dieta enriquecida con ácido palmítico y fructosa provoca cambios en los patrones de expresión de transcritos, modificando vías metabólicas en el sistema nervioso central que podrían asociarse con la generación y el desarrollo del SM.

ALTERNATIVA METODOLÓGICA PARA LA GENOTIPIFICACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS C677T Y A1298C DEL GEN *MTHFR* Y SU IMPORTANCIA

Martínez, M., Godínez, D., Lima, G., Díaz-Barriga Arceo, S.*

Universidad Nacional Autónoma de México. Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. Laboratorio de Citogenética y Laboratorio 9 de la UIM. Avenida Primero de Mayo s/n Cuautitlán Izcalli, México. *sadibar@unam.mx

El gen *MTHFR* localizado en 1p36.3 consta de 11 exones y codifica para una proteína dimérica entre 70-77kDa conocida por el mismo nombre del gen. La enzima Metilentetrahidrofolato reductasa humana es indispensable en el metabolismo de los folatos, ya que se encarga de generar un compuesto donador de grupo metilo en la síntesis de la *s*-adenosil-metionina (SAM), donde a su vez SAM está involucrada en reacciones de metilación del DNA, RNA y proteínas. El gen posee 14 mutaciones asociadas con la deficiencia enzimática severa. El polimorfismo C677T reduce la termoestabilidad de la enzima y el A1298C ocasiona una reducción del 40% de la actividad enzimática, pero en menor medida que el polimorfismo anterior. Esta deficiencia se traduce en reducción de los niveles de folato y elevación sanguínea de homocisteína, lo que se ha relacionado con diversos padecimientos vasculares, el cáncer y la diabetes; además, los polimorfismos juegan un papel importante en la toxicidad de ciertos fármacos entre los que destaca el metotrexato. Con la finalidad de ofrecer procedimientos más accesibles en infraestructura y costos, el objetivo del presente trabajo fue desarrollar los métodos de genotipificación para estos dos polimorfismos. Después de un análisis bioinformático, la genotipificación del polimorfismo C677T se realizó por PCR-RFLP y para el polimorfismo A1298C por PCR-ASO, ya que se consideran metodologías de bajo costo. Para la técnica PCR-RFLP se usó una temperatura de alineamiento (T_m) de 58.1° y la enzima *Hinfl*. En la técnica de PCR-ASO la T_m fue de 58°, manejando 100nM de oligos externos y 300nM de oligos internos. Se genotipificaron 24 personas para los dos polimorfismos y las frecuencias obtenidas resultaron ser similares a las reportadas para la población mestizo-mexicana y con base en el principio de Hardy-Weinberg se encontró que la población está en equilibrio. En el futuro, estas metodologías contribuirán al estudio sistemático de los pacientes y al desarrollo de algoritmos que permitan una dosificación más adecuada y eficaz del metotrexato y estudiar en muchos más casos las repercusiones que estos polimorfismos tienen en la salud.

Agradecemos el apoyo del proyecto UNAM-PAPIME PE206518 "Fortalecimiento de la Farmacogenómica en FESC"