



**SOCIEDAD MEXICANA DE GENETICA**

**Mesa Directiva, 2003-2005**

**Presidenta**

**Dra. A. Rocío Ortiz Muñiz**

**Vice-Presidente**

**Dr. Emilio Pimentel Peñaloza**

**Secretaria**

**Biol. Exp. Leticia Cortés M.**

**Tesorera**

**M. en C. Matilde Breña Valle**

**Vocales**

**Dra. Patricia Pérez Vera**

**M. en C. Laura Castañeda Partida**

**M. en C. Ana Rosa Flores Márquez**

**M. en C. Guillermo Bojórquez.**

**M. en C. Juan José Rodríguez M.**

**Biól. Ma. del Carmen Martínez.**

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MÉXICO



**Dr. en Q. Rafael López Castañares**  
Rector

**M. en A. Ed. Maricruz Moreno Zagal**  
Secretaria de Docencia

**M. en A. P. José Martínez Vilchis**  
Secretario Administrativo

**M. en C. Eduardo Gasca Pliego**  
Secretario de Rectoría

**Dr. en Cs. Agr. Carlos Arriaga Jordán**  
Coordinador General de Investigación y Estudios Avanzados

**El Comité Organizador del Congreso Nacional 2004 de la SMG, desea hacer patente un especial agradecimiento por el apoyo brindado a:**

Dr. en Cs. Agr. Carlos Arriaga Jordán.  
Coordinador General de Investigación y Estudios Avanzados

D. I. Laura Gómez Vera  
Directora de Vinculación Investigación-Sociedad

Dr. Pedro Morales Ramírez  
Investigador del Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares

Griselle Juan y Seva García.  
Departamento de Promoción de la Investigación y el Posgrado

**Al mismo tiempo agradecemos al:**

Dr. Nazario Pescador Salas

Dr. Juan Carlos Vázquez Chagoyán

La organización del Curso Pre-Congreso y el contacto con los profesores invitados.



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA

Rector General

**Dr. Luis Mier y Terán Casanueva**

Secretario General

**Dr. Ricardo Solís Rosales**

Rector Unidad Iztapalapa

**Dr. José Lema Labadie**

Secretario Unidad Iztapalapa

**Mtro. Luis Javier Melgoza Valdivia**

Director de la División de CBS

**Dr. Oscar Monroy Hermosillo**

Jefa del Departamento de Ciencias de la Salud

**Dra. Alda Rocío Ortiz Muñiz**

ACTIVIDADES CONMEMORATIVAS DEL TRIGÉSIMO ANIVERSARIO

**PATROCINADORES DE LA ELABORACIÓN DEL CD DE LAS  
MEMORIAS DE ESTE EVENTO**



**INSTITUCIONES PARTICIPANTES**

Brigham Young University, Utah, EUA.  
Centro de Aplicaciones Tecnológicas y Desarrollo Nuclear (CEADEN), Habana, Cuba.  
Centro de Aplicaciones Tecnológicas y Desarrollo Nuclear (CEADEN). La Habana, Cuba.  
Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM.  
Centro de Investigación Biomédica de Occidente, IMSS.  
Centro de Investigación en Genética y Ambiente, UAT.  
Centro de Investigación en Química Aplicada. Saltillo, Coahuila.  
Centro de Investigación sobre Fijación de Nitrógeno, UNAM.  
Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN, Unidad Saltillo.  
Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Salud Animal, UAEM.  
Centro de Investigaciones y de Estudios Avanzados, CINVESTAV.  
Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), México D.F.  
Centro Médico 20 de Noviembre, ISSSTE.  
Centro Nacional de Toxicología (CENATOX), Habana, Cuba.  
Centro Universitario de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Colima.  
Departamento de Endocrinología y Metabolismo del INCMNSZ México D.F.  
Departamento de Patología Experimental, CINVESTAV.  
Department of Entomology, Texas A&M University, Collage Station, TX.  
Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN.  
Escuela Superior de Medicina del Instituto Politécnico Nacional.  
Facultad de Biología, Universidad de la Habana, Habana, Cuba.  
Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Autónoma de Sinaloa.  
Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Baja California.  
Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, UNAM.  
Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM.  
Facultad de Estudios Superiores-Zaragoza, UNAM.  
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM.  
Facultad de Medicina, UAEM.  
Facultad de Química, UNAM.  
Hospital de Pediatría, CMN Siglo XX.  
Hospital General de México.  
Hospital Juárez de México, SSA.  
Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, UNAM.  
Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM.  
Instituto de Investigaciones de Fruticultura Tropical (IICF) La Habana, Cuba.  
Instituto de Investigaciones en Materiales, UNAM.  
Instituto Estatal de Investigaciones de Hesse, Alemania Federal M.  
Instituto Mexicano del Maíz, Universidad Autónoma Agraria, Saltillo, Coahuila.  
Instituto Mexicano del Petróleo.  
Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán.  
Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares.

Instituto Nacional de Pediatría.  
Instituto Nacional de Sanidad Vegetal, Habana, Cuba.  
Unidad de Biología Molecular y Medicina Genómica del INCMNSZ.  
Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN) FES -Zaragoza, UNAM.  
Universidad Autónoma Agrícola Antonio Narro, Saltillo, Coahuila.  
Universidad Autónoma de Baja California.  
Universidad Autónoma de Baja California, La Paz.  
Universidad Autónoma de Barcelona.  
Universidad Autónoma de Ciudad Juárez.  
Universidad Autónoma de Guerrero.  
Universidad Autónoma de Zacatecas.  
Universidad Autónoma del Estado de México.  
Universidad Autónoma del Estado de Morelos.  
Universidad Autónoma del Estados de Hidalgo.  
Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa.  
Universidad de Guadalajara.  
Universidad de Occidente, Unidad Los Mochis, Sinaloa.  
Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, UJAT.  
Universidad Nacional Autónoma de México.  
Universidad Politécnica de Pachuca.  
USDA Forest Service, Pacific Northwest Research Station, Forestry and Range Science Laboratory.

**SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA**  
**Congreso Nacional 2004, Ixtapan de la Sal, Estado de México**

<b>Hora</b>	<b>Martes 5</b>	<b>Miércoles 6</b>	<b>Jueves 7</b>	<b>Viernes 8</b>	<b>Sábado 9</b>		
08:30		Registro	Registro				
09:00		Inauguración					
09:20		Sesión de trabajos libres (Orales I)	Sesión de trabajos libres (Orales III)	Sesión de trabajos libres (Orales V)	Receso		
09:40							Sesión de trabajos libres (Orales VII)
10:00							
10:20							
10:40		Café	Café	Café			
11:00							
11:20		Sesión de trabajos libres (Orales II)	Sesión de trabajos libres (Orales IV)	Sesión de trabajos libres (Orales VI)	Café		
11:40							
12:00					<b>Conferencia</b> Historia de la Sociedad Mexicana de Genética <i>Dra. Judith Guzmán Rincón.</i>		
12:20				<i>Fotografía de Asistentes</i>			
12:40		Receso	Receso				
13:00							
13:20		<b>Conferencia Magistral</b> Epigenetic aspects related to cloning <i>Dr. Lawrence C. Smith</i>	<b>Conferencia Magistral</b> Genética Evolutiva <i>Dr. Fernando Cervantes</i>	<b>Conferencia Magistral</b> Functional Genomics in Transgenic Mice for Drug Discovery <i>Dr. Ramiro Ramirez-Solis</i>			
13:40					<b>Premiación y Clausura</b>		
14:00							
14:20							
14:40							
15:00							
15:20		Receso Comida	Receso Comida	Receso Comida			
15:40							
16:00							
16:20							
16:40							
17:00		Sesión de Carteles I	Sesión de Carteles II	Sesión de Carteles III			
17:20							
18:00							
18:20							
18:40				Sesión de Negocios			
19:00							
19:20							
19:40							
20:00	Registro						
20:20							
20:40	Cocktail de Bienvenida	Evento Cultural <i>UAEM</i>	Torneo de Dominó  Karaoke	Cena Baile			
21:00							
21:20							
21:40							
22:00							

## PROGRAMA

Miércoles 6 de octubre

08:30 a 09:00 Registro

09:00 a 09:20 Inauguración

## SESIÓN I, PRESENTACIONES ORALES

Coordinadora: M. en C. Martha Patricia Cruces Martínez

09:20 a 09:40 Gaytán Oyarzún J.C., Gómez Arroyo S. y Gordillo Martínez A.

ANÁLISIS COMPARATIVO POTENCIAL GENOTÓXICO DEL ESTRADIOL Y SUS METABOLITOS PRIMARIOS A TRAVÉS DE LA PRUEBA DE MUTACIÓN Y RECOMBINACIÓN SOMÁTICA (SMART) EN ALAS DE *Drosophila melanogaster* Y DEL ANÁLISIS DE ESTRUCTURAS ANAFÁSICAS Y MICRONÚCLEOS EN HABA (*Vicia faba*).

09:40 a 10:00 Castillo Olguín E y Uribe Alcocer M.

DIFERENCIACIÓN GENÉTICA-POBLACIONAL EN DOS ESPECIES DE TIBURONES EN EL PACIFICO MEDIANTE SSCP.

10:00 a 10:20 Alvarado Gutiérrez A., Fraire Velázquez S. y Almanza Sánchez L.

EFFECTO DEL RITMO CIRCADIANO EN EL PERFIL DE LA EXPRESIÓN DE UN GEN TIPO CALMODULINA Y UNA  $\beta$ -GLUCOSIDASA, Y ACTIVIDAD ENZIMÁTICA EN FRIJOL ANTE *Colletotrichum lindemuthianum*.

10:20 a 10:40. Molina B., Sánchez S., Niembro A., Rivera Luna R., Frias G., Carnevale A. y Frias S.

DETERMINACION DE LOS EFECTOS DE LA QUIMIOTERAPIA MOPP SOBRE LA PRODUCCION DE ESPERMATOZOIDES EN PACIENTES CON ENFERMEDAD DE HODGKIN.

10:40 a 11:00 Bonilla E., Mendoza M., Carrillo E., Cortés L., Hernández F., Mejía J. y Betancourt M.

ALTERACIONES EN LA REGULACIÓN GÉNICA CAUSADAS POR LOS INSECTICIDAS MALATIÓN Y DIAZINÓN DURANTE LA OVOGÉNESIS TEMPRANA.

11:00 A 11:20 Receso

## SESIÓN II, PRESENTACIONES ORALES

Coordinadora: Dra. Sandra Gómez Arroyo

11:20 a 11:40 Morales Ramírez P., Vallarino Kelly T. y Cruz Vallejo V.

INFERENCIAS SOBRE LA GENOTOXICIDAD Y CITOTOXICIDAD DE LA VINBLASTINA Y LA VINCRISTINA A TRAVÉS DEL ANÁLISIS DE LA CINÉTICA DE INDUCCIÓN DE RETICULOCITOS MICRONUCLEADOS IN VIVO.



11:40 a 12:00 López Baños B., Carmona Medero M.A, Esperón Sumano E. y Ortiz Muñiz A.  
EFECTO DE INTERACCIÓN GENOTIPO - AMBIENTE EN LA PRODUCCIÓN DE LECHE DIARIA DE VACAS F1 HOLSTEIN – CEBÚ.

12:00 a 12:20 Núñez Gutiérrez I.C., García Cruz D., Frágoso Herrera R., Figuera Villanueva L., Barros Núñez P. y Medina Lozano C.  
TIROSINA PARA EL SITIO EN CONFLICTO 698 EN EL GEN PDEB EN PACIENTES CON RETINOSIS PIGMENTOSA Y POBLACION DEL OCCIDENTE DE MEXICO.

12:20 a 12:40 Ruiz Enrico A. y Zúñiga G.  
ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE *Dendroctonus pseudotsugae* Hopkins (Coleoptera: Scolytidae) MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES.

12:40 a 13:00 Bocanegra Astivia D. y Altamirano Lozano M. A.  
EFECTO TERATOGENICO CAUSADO POR LA CASIOPEÍNA III-ia EN EMBRIONES DE RATÓN DE LA CEPA CD-I.

**13:00 a 13:20 Receso**

**13:20 a 14:40. CONFERENCIA MAGISTRAL**  
**GENETIC AND EPIGENETIC EFFECTS ON ANIMAL CLONING AND OTHER ARTS. Lawrence C. Smith**  
**Coordinador: Dr. Nazario Pescador Salas.**

**14:40 a 16:00 Comida**

**SESIÓN I, PRESENTACIÓN DE CARTELES**  
**Coordinadora: M. en C. Laura Castañeda Partida**

**16:00 a 19:00**

I.1. Ramírez Hernández A., Alarcón Aguilar F. J. y Fierro Pastrana R.  
EFECTO DEL EXTRACTO ACUOSO DE LA SEMILLA MADURA DE *Carica papaya* SOBRE LA MOVILIDAD Y VIABILIDAD ESPERMÁTICA.

I.2. Bárcenas Rodríguez H.V., Castañeda Sortibrán, A.N., Ordaz Téllez M. G. y Rodríguez Arnaiz R.  
DETERMINACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE UNA PLANTA UTILIZADA EN MEDICINA TRADICIONAL PARA LA DIABETES MELLITUS TIPO 2 EN EL BIOENSAYO SMART DE *Drosophila melanogaster*.

I.3. Alvarado Gutiérrez A.  
EXPRESIÓN DE GENES SINA, SUMO Y  $\beta$ -GLUCOSIDASA Y CITOLOGÍA EN SEIS GENOTIPOS DE FRIJOL EN RESPUESTA DE DEFENSA ANTE ANTRACNOSIS.

- I.4. Hernández A., Molina B., Velasco L., Carnevale A. y Frias S.  
SENSIBILIDAD DE LAS LINEAS CELULARES DE PACIENTES CON ANEMIA DE FANCONI A LA HIDROXIUREA.
- I.5. Rivera Castillo I., González Ledesma L., Gaytán Oyarzún J. C., Olvera Quezada H., y Pérez Cruz E.  
DETERMINACIÓN DE LA FRECUENCIA DEL DAÑO ESPONTÁNEO DE MALFORMACIONES EN COLUMNA VERTEBRAL, OPÉRCULO Y ALETA DEL PEZ CEBRA (*Brachidanio rerio*), PARA POSTULARLO COMO POSIBLE BIOMARCADOR PARA LA EVALUACIÓN DE DAÑO TERATOGÉNICO INDUCIDO.
- I.6. González Ledesma L., Gaytán Oyarzún J. C., Olvera Quezada H. y Pérez Cruz E.  
EFECTO DEL MOMENTO DE TRATAMIENTO EN EL DESARROLLO EMBRIONARIO EN LA INDUCCIÓN DE MALFORMACIONES EN COLUMNA VERTEBRAL EN PEZ CEBRA (*Brachydanio rerio*), PARA LA EVALUACIÓN DE CONTAMINANTES AMBIENTALES.
- I.7. Pedroza Roldán C., Zavala Tapia O. y Álvarez Araujo L.  
GENERACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE ANTICUERPOS DE GALLINA DE CADENA SENCILLA (SCFV) CONTRA ANTÍGENOS DE MEMBRANA DE *HELICOBACTER PYLORI* CEPAS J99 Y N2.
- I.8. Villalón A., Castro C. y Rubio J.  
FRECUENCIA DE POLIMORFISMOS CYP1A1\*2 Y CYP1A1\*4, EN LA POBLACIÓN MEXICANA.
- I.9. Medina Ruiz H., Rodríguez L., Cortés E. y Ortiz, R.  
FRECUENCIA DE MICRONÚCLEOS EN RATAS DESNUTRIDAS TRATADAS CON FÁRMACOS.
- I.10. López B. B., Pastrana L. E. K y Ortiz M. A.  
EFECTO DEL CRUZAMIENTO GENÉTICO DE DOS LÍNEAS COMERCIALES EN LOS PARÁMETROS PRODUCTIVOS DEL POLLO DE ENGORDA.
- I.11. Morales Ramírez P., Vallarino Kelly T., y Jiménez Arévalo F. R.  
DETERMINACIÓN DE LA CINÉTICA DE INDUCCIÓN DE MICRONÚCLEOS EN ERITROCITOS POLICROMÁTICOS DE SANGRE PERIFÉRICA DE RATÓN PRODUCIDOS POR 6 - TIOGUANINA (6-TG).
- I.12. Castro Rodríguez E. M. y Oviedo Rodríguez V.  
POLIMORFISMOS EN EL LOCUS WRN QUE AFECTAN LA EXPRESION DE PAI-1.
- I.13. Ortiz Solalinde C. E., Rosas Espinosa E. y Becerril Morelos E. DIAGNÓSTICO CLÍNICO, CITOGENÉTICO Y MOLECULAR DEL SÍNDROME DE X-FRÁGIL EN UNA FAMILIA MEXIQUENSE.

I.14. Vázquez Montiel R. F., Martínez García M., Téllez O. y Campos Contreras J. E. ESTIMACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE CEPHALOCERUS COLUMNA-TRAJANI EN CUATRO REGIONES CON DIFERENTES RANGOS DE TEMPERATURA EN EL VALLE DE TEHUACAN CUICATLÁN, PUEBLA.

I.15. Campos Montes G., Sánchez González G., López Ordaz R. y Castro Gámez H. ESTIMACIÓN DE HEREDABILIDAD Y EFECTO DE AMBIENTE PERMANENTE PARA PESO DE LA CAMADA A LOS 75 DÍAS EN OVINOS PELIBUEY.

I.16. Sánchez González G., López Ordaz R., Campos Montes G. y Castro Gámez H. PREDICCIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA TAMAÑO DE LA CAMADA EN OVINOS PELIBUEY.

I.17. Pimentel A. E. y Cruces M. P. EVIDENCIA DE LA ACCIÓN PROMOTORA DEL DAÑO GENÉTICO DE LAS DOSIS BAJAS DE CLOROFILINA EN CÉLULAS SOMÁTICAS DEL ALA DE *Drosophila melanogaster*.

I.18. Pimentel A. E., Moreno I. y Cruces M. P. EFECTO DE LA CLOROFILINA EN LA REDUCCIÓN O PROMOCIÓN DE DAÑO GENÉTICO INDUCIDO POR LA ETIL-NITROSO-UREA (ENU) EN CÉLULAS GERMINALES DE *Drosophila melanogaster*.

Jueves 7 de octubre

**SESION III, PRESENTACIONES ORALES**

**Coordinadora: M. en C. Berta Molina Alvarez**

09:00 a 09:20 Rodríguez Reyes R., Toribio Escobedo E., Olvera N. C., García González C. y Morales Ramírez P.

INDUCCIÓN DE ICH POR EL AGENTE DESMETILANTE 5-AZACITIDINA.

09:20 a 09:40 Ortega J., Fuentes J. L., Alonso A., Santiago L., Almeida E., Álvarez D., Casares L., Ferrer M., Llagostera M., Cáseres I., Fernández Larrea O. y Sánchez Lamar A. EVALUACIÓN GENOTÓXICA DE  $\beta$ -EXOTOXINAS DE *Bacillus thuringiensis* UTILIZANDO ENSAYOS IN VITRO.

09:40 a 10:00 De La Cruz Lázaro E., Rodríguez Herrera S. A., Córdova Orellana H., Estrada Botello M. A., Mendoza Palacios J. de D. y Brito Manzano N. P.

DIALELICO DE GRIFING PARA CARACTERÍSTICAS AGRONOMICAS EN LÍNEAS DE MAÍZ QPM PARA FORRAJE.

10:00 a 10:20 Pérez Vera P., Montero O., Valladares A., Frías S., Rivera Luna R., Paredes R., Arenas D. y Carnevale A.

CARACTERISTICAS CLINICAS Y CITOGENETICAS DE PACIENTES CON LEUCEMIA AGUDA LINFOBLASTICA Y MULTIPLES COPIAS DEL GEN AML1.

10:20 a 10:40 Márquez C.

LAS PLANTAS BRASSICAS DE CICLO CORTO COMO SISTEMA EXPERIMENTAL EN GENÉTICA.

10:40 a 11:00 Sobrino Figueroa A.

MICROENSAYOS PARA EVALUAR LA GENOTOXICIDAD DE LOS SEDIMENTOS DE LA LAGUNA EL YUCATECO, TAB.

**11:00 a 11:20 Receso**

**SESION IV, PRESENTACIONES ORALES**

**Coordinador: Carlos Márquez Becerra**

11:20 a 11:40 Rodríguez C. y Caspeta, M. A.

ANALISIS GENETICO DE LAS MUTANTES EN RECOMBINACION recF, addAB y recFaddAB EN CONVERSION GENICA INTERPLASMIDICA DE Rhizobium etli CE3.

11:40 a 12:00 Alejos Velázquez L. P., Monsalvo Reyes A. C., Martínez García M. y Campos Contreras J. E.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE UN POSIBLE HÍBRIDO ENTRE DOS ESPECIES DE CACTÁCEAS.

12:00 a 12:20 Delgado Rodríguez A., Ortiz Marttelo R., Soto Mora E. S., Jiménez García O. y García Chávez E.

EFFECTOS TOXICOLÓGICOS POR DESCARGAS AL RÍO ATOYAC DE AGUAS NEGRAS E INDUSTRIALES, EN EL ESTADO DE TLAXCALA.

12:20 a 12:40 Salceda V. M. y Espinoza Velásquez J.

VARIACION MICROGEOGRAFICA EN EL III CROMOSOMA DE Drosophila pseudoobscura

12:40 a 13:00 Casiano Rosas C., Bautista Muñoz C., Camarillo Chávez M. G., Hernández Rodríguez C. H. y Villa Tanaca L.

DETECCIÓN DE LOS GENES SAP's, DAP2 Y STE13 EN Candida dubliniensis Y SU ACTIVIDAD BIOQUÍMICA.

**13:00 A 13:20 Receso**

**13:20 a 14:40 CONFERENCIA MAGISTRAL  
GENÉTICA EVOLUTIVA. Fernando Cervantes Reza.**

**Coordinadora: Dra. Rocio Ortíz Muñiz.**

**14:40 a 16:00 Comida**

**SESIÓN II, PRESENTACIÓN DE CARTELES**  
**Coordinadora: M. en C. Ana Rosa Flores Márquez**

**16:00 a 19:00**

II.1. Cariño Cortés R., Arriaga Alba M., González Ávila M., Torres Valencia J. M., Madrigal Bujaidar E. y Hernández Ceruelos A.

EVALUACIÓN MUTAGÉNICA Y ANTIMUTAGÉNICA DE EXTRACTOS ACUOSOS DE *Stevia pilosa* y *Stevia serrata*.

II.2. Miliar García A , Domínguez López A., Navalón García K., Díaz Vargas M. E., Ramírez Jiménez S, Canizales Quinteros S., Riba L., Rodríguez Torres M., Gonzáles Chávez A., Monroy Guzmán A., Argueta V., Aguilar Salinas C. y Tusié-Luna M. T.  
CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE LA MUTACIÓN G574S ENCONTRADA EN EL GEN HNF-1a EN PACIENTES CON DIABETES MELLITUS TIPO 2.

II.3. Ramos S., Martínez A., González A. y Molina B.

TRISOMIA 2p21@pter Y MONOSOMIA 8p21@pter EN MOSAICO: REPORTE DE UN CASO.

II.4. Dávalos de la Cruz, K. V., Aguilar M. A., Piña, M. C. y Tejeda, A.  
BIOCOMPATIBILIDAD DE LA ZEOLITA ALPO tipo CHA4 ENRIQUECIDA CON Zn E Ca(OH)<sub>2</sub>.

II.5. Urbina Sánchez, I., Aguilar M. A., Arellano Arenas E. y Rogers D.

ESTUDIO CARIOTÍPICO DE *Reitrhodontomys* PARA LA DETERMINACIÓN DE UNA POSIBLE NUEVA ESPECIE.

II.6. Ledesma Pérez A. S., Aguilar M. A., Flores Rojas G., Dávalos de la Cruz K. V, Romero García J., Vargas Gutiérrez G. y Arias Marín E.

ESTUDIO DE LA BIOCOMPATIBILIDAD IN VITRO DE CEMENTOS DE POLIALQUENOATO CON BASE EN VIDRIO DE FLUOROALUMINOSILICATO Y POLI(ÁCIDO ? -GLUTÁMICO) DE ORIGEN MICROBIANO.

II.7. Estrada Juárez H., Altamirano Lozano M., Gómez Olivares J., Ortiz Muñiz R.  
DETERMINACIÓN DEL EFECTO DE LA LEPTINA, SOBRE LA FRECUENCIA APOPTOSICA INDUCIDA POR DESNUTRICIÓN Y DEXAMETASONA EN CÉLULAS DEL SISTEMA INMUNE DE RATA.

II.8. Díaz Barriga S., Zárate H., Ángeles E. y Rivera S.

GENOTOXICIDAD DEL COLORANTE CUMARINICO LQM231 UTILIZADO EN TINCIONES CROMOSOMICAS.

II.9. Cortés E., Ceballos I., González H., Rodríguez L., Gómez J. L., Altamirano Lozano M. y Ortiz R.

ALTERACIONES EN EL TIEMPO DE CICLO CELULAR EN CÉLULAS DE BAZO DE RATAS CON DESNUTRICIÓN SEVERA DE 21 DÍAS DE EDAD.

II.10. Leal T. B. A., Bojórquez R. G., y Márquez, C.

LOS CROMOSOMAS DE LA ALMEJA *Corbicula fluminea* DEL RIO BRAVO, CHIHUAHUA.

II.11. Rebollar Rodríguez M. C., Sierra Martínez M., García Jiménez E., Chávez Ocaña S. y Vergara M. D.

FRECUENCIA DE ALTERACIONES CROMOSÓMICAS EN PADECIMIENTOS DE ORIGEN GENÉTICO.

II.12. Ruiz E. A. y Zúñiga G.

RELACIONES TAXONÓMICAS ENTRE LAS ESPECIES DE Poblana De Buen (Pisces: Atherinopsidae) POR MEDIO DE MARCADORES MOLECULARES.

II.13. Evangelista Martínez Z. y Servín González L.

LipR REGULA LA EXPRESION DEL GEN *lipA* DE LA LIPASA EXTRACELULAR DE *Streptomyces exfoliatus*

II.14. Martínez A., Molina B., Liberman E., Ulloa V., Arenas D., Villadanes A. y Pérez P.  
PEQUEÑO CROMOSOMA SUPERNUMERARIO Y ANILLO DEL 21 EN MOSAICO

II.15. Pimentel A. E., Cruces M. P. y Salceda V. M.

LA RESISTENCIA A LA SEQUÍA DE *Drosophila melanogaster* Y *D. simulans* PROVENIENTES DE LA CENTRAL NUCLEOELÉCTRICA "LAGUNA VERDE".

II.16. Aguilar M., Serment Guerrero J., Breña M. y Tavera L.

EVALUACIÓN DEL DAÑO GENÉTICO PRODUCIDO POR RADIACIÓN IONIZANTE DE DIFERENTE LET EN *Escherichia coli*.

II. 17. García López G., Breña Valle M., y Serment Guerrero J.

REPARACIÓN DE RUPTURAS DOBLES EN ADN DE MUTANTES DE *Escherichia coli*

II. 18. De la Cruz Torres E., Rubluo Islas A.,† Palomino Hasbach G. y García Andrade J. M.  
CARACTERIZACIÓN DE GERMOPLASMA DE *Chenopodium*, SELECCIÓN DE POSIBLES MUTANTES Y SU ESTUDIO CITOGENÉTICO

**Viernes 8 de octubre**

**SESION V, PRESENTACIONES ORALES**

**Coordinador: Dr. Pedro Morales Ramírez**

09:00 a 09:20 Robles F., Vázquez C., López C., Martínez S. y Cajero M.  
INCREMENTO EN LA EFICIENCIA DE LA RECOMBINACIÓN HOMÓLOGA COMPLETA EN CÉLULAS TRONCO EMBRIONARIAS DE RATÓN.

09:20 a 09:40 Salas C., Molina, B., Niembro A., Rivera Luna R., Carnevale A. y Frias S.  
ANEUPLOIDIAS EN LINFOCITOS DE PACIENTES CON ENFERMEDAD DE HODGKIN TRATADOS CON QUIMIOTERAPIA MOPP (MOSTAZA NITROGENADA, ONCOVIN, PROCARBAZINA Y PREDNISONA).

09:40 a 10:00 Barbosa Saldaña M. L., Díaz Jaimes P. y Uribe Alcocer M.  
VARIACIÓN ALOENZIMÁTICA EN POBLACIONES DEL CAMARÓN CAFÉ FARFANTEPENAEUS CALIFORNIENSIS, DEL PACÍFICO MEXICANO.

10:00 a 10:20 Gómez Arroyo S., Calderón Segura M. E., Gómez de la Cruz L., Luna J. J., Villalobos Pietrini R., Flores Márquez A. R. y Martínez Valenzuela C.  
EFECTO PROMUTAGÉNICO DE DIFERENTES HERBICIDAS EN CULTIVO DE LINFOCITOS HUMANOS.

10:20 a 10:40 Rodríguez Aguilera E., Ruiz Azuara L., Macías Rosales L., Téllez Aztorga L., Cortés Barberena E., Ortiz Muñoz R., Cortés Martínez L. y Gracia Mora I.  
MUERTE CELULAR INDUCIDA POR SEIS CASIOPEINAS EN CELULAS HELA

10:40 a 11:00 Sandoval Castellanos E., Uribe Alcocer M. y Díaz Jaimes P.  
ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL EN EL CALAMAR GIGANTE (DOSIDICUS GIGAS) INFERIDA MEDIANTE DNA MITOCONDRIAL.

**11:20 a 11:40 Receso**

**SESION VI, PRESENTACIONES ORALES**

**Coordinador: Dr. Manuel Uribe Alcocer**

11:20 a 11:40 Frias S., Sánchez S., Molina B., Niembro, A., Rivera Luna R. y Carnevale, A.  
DETECCION DE ANEUPLOIDIAS EN ESPERMATOZOIDEOS DE PACIENTES CON ENFERMEDAD DE HODGKIN TRATADOS CON QUIMIOTERAPIA MOPP.

11:40 a 12:00 Galindo Reyes J. G., Mora Donjuán C. A. y Carvajal R.  
DAÑOS MOLECULARES EN EL DNA DE CAMARONES (LITOPENAEUS VANNAMEI) CAUSADOS POR HIDROCARBUROS POLICÍCLICOS AROMÁTICOS (PIRENO Y FLOURENO) Y EL PLAGUICIDA LINDANO.

12:00 a 12:20 Anducho M., Zúñiga G., Cognato I. A. y Hayes L. J.

**ANÁLISIS FILOGEOGRÁFICO DE DENDROCTONUS MEXICANUS HOPKINS**  
(Coleoptera:Curculionidae:Scolytinae).

12:20 a 12:40 Ramos Morales P., Muñoz Hernández A., Herrera Bazán J., Rivas Martínez H.,  
Hernández Bernal B., Muñoz Moya A., García Martínez V.

**TALIDOMIDA ¿MUTAGÉNICA?**

**12:40 a 13:00 Fotografía de asistentes**

**13:00 a 13:20 Receso**

**13:20 a 14:40 CONFERENCIA MAGISTRAL**

**APLICACIÓN DE LA GENÓMICA FUNCIONAL EN RATONES TRANSGÉNICOS  
PARA EL DESCUBRIMIENTO DE NUEVOS MEDICAMENTOS. Ramiro Ramírez  
Solis.**

**Coordinador: Dr. Juan Carlos Vázquez Chagoyán.**

**14:40 a 16:00 Comida**

### **SESIÓN III, PRESENTACIÓN DE CARTELES**

**Coordinadora: Dra. Patricia Pérez Vera**

**16:00 a 19:00**

III.1. Sobrino Figueroa A., Cáceres Martínez C. y Rosas C. R.

**MALFORMACIONES EN LA CONCHA DE ALMEJAS (Argopecten ventricosus)  
EXPUESTAS A METALES TÓXICOS.**

III.2. Valdés Y., Fuentes J., Santiago L. y Rodríguez N. N.

**INFLUENCIA DE LA RADIACIÓN G SOBRE LA CALLOGENESIS EN AGUACATERO  
(PERSEA AMERICANA MILL).**

III.3. Rodríguez Aguilera E., Ruiz Azuara L., Macías Rosales L., Téllez Aztorga L., Cortés  
Barberena E., Ortiz R. y Gracia Mora I.

**ESTUDIO DEL CICLO CELULAR EN CELULAS HELA TRATADAS CON  
CASIOPEINAS.**

III.4. Rodríguez Mercado J. J. y Altamirano Lozano M. A.

**UNA COMPARACIÓN DE LOS EFECTOS GENOTÓXICOS PRODUCIDOS POR  
VANADIO.**



- III.5. Dueñas García I. E., Gómez Luna J.C., Santos Cruz L. F., Vega Contreras V., Durán Díaz Á., Castañeda Partida L. y Heres Pulido M. E.  
 IMPLICACIÓN DE LOS CITOCROMOS P450 Y LA REPARACIÓN DEL DNA POR ESCISIÓN DE NUCLEÓTIDOS EN LA VIABILIDAD DE LAS LINEAS *flare*, *Oregon-flare* Y *mei<sup>9</sup>a<sup>4</sup>ID<sup>5</sup>* DE *Drosophila melanogaster* EXPUESTAS A METILMETANOSULFONATO (MMS), URETANO Y 4-NITROQUINOLINE-1-OXIDO.
- III.6. López Rocha L. Z., Dueñas García I. E., Castañeda Partida L., Durán Díaz A.1 y Heres Pulido M. E.  
 REDUCCIÓN DE LA TASA DE MUTACIÓN ESPONTÁNEA DE LOS MARCADORES DE SMART EN ALA EN *Drosophila melanogaster* ALIMENTADA CON BRÓCOLI (*Brassica oleracea* var. *italica*).
- III.7. Soriano V. E. Vázquez Chagoyán J.C. y Salgado Miranda, C.  
 GENETICA BACTERIANA: PATOGENOS DEL TRACTO RESPIRATORIO DE LAS AVES.
- III.8. Talavera Rojas M., Vázquez Chagoyan J. C., Lagunas Bernabe S. y Robles F.  
 DETERMINACIÓN DE LA MUTACIÓN DEL GEN *GyrA* DE *Salmonella* spp ASOCIADA A LA RESISTENCIA A QUINOLONAS.
- III.9. Cervantes Ramos C, Juárez Santacruz L, Sánchez-Alarcón J, Gómez-Olivares J.L. y Valencia Quintana R.  
 EVALUACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD DE SUELOS MINEROS DE VILLA DE LA PAZ-MATEHUALA SAN LUIS POTOSÍ, MÉXICO
- III.10. González Jiménez J, Velásquez Juárez L y Gutiérrez J.P.  
 DETERMINACIÓN DE ALGUNOS FACTORES INVOLUCRADOS EN LA HIBRIDACIÓN DE QUINUA Y CHÍA ROJA (*Chenopodium quinoa* WILLD. X *Ch. berlandierii*).
- III.11. López Sánchez J.G, Sánchez Alarcón J., Pérez González LC., Ortiz Ortiz E., Zempoalteca Espinosa S. y Valencia Quintana R.  
 ELABORACIÓN DE UN PADRÓN E INSPECCIÓN DE SITIOS POTENCIALMENTE PELIGROSOS EN EL ESTADO DE TLAXCALA Y SUS IMPACTOS EN LA SALUD.
- III.12. Alvarez Moya C, Andrade Martínez E. M. Reynoso S.M, Arévalo Hernández A.  
 COP'S Y DAÑO GENÉTICO EN LINFOCITOS Y HEPATOCITOS DE *Pelicanous erythrorhyncus* *Goodea atripinnis* DEL LAGO DE CHAPALA
- III.13. García Martínez V. y Ramos Morales P.  
 EFECTO DE LA PRESENCIA DE CROMOSOMAS BALANCEADORES EN LA RESPUESTA GENOTÓXICA DE *Drosophila melanogaster*.

III.14. García Niño W.R. y Ramos Morales P.  
OBTENCIÓN DE LA CURVA DE VIABILIDAD HUEVO-ADULTO DE TRES CEPAS DE *Drosophila melanogaster*.

III.15. Ríos Pérez H.A., Bautista Hernández D.A., Ramos Morales P.  
CALIBRACIÓN DE MODELOS *IN VIVO* (*D. virilis*, *D. hamatofila*, *Megaselia scalaris*) PARA LA EVALUACIÓN DE ALTERACIONES EN EL DESARROLLO POR AGENTES GENOTÓXICOS.

III.16. Ledesma Vaca P., Muñoz Hernández A. y Ramos Morales P.  
DETERMINACIÓN DE LA RESPUESTA DE GENOTOXICIDAD DE MUESTRAS DE DOS LOCALIDADES DE AGUA DULCE EN *Drosophila melanogaster*.

III.17. Serna Navarrete L., Rivas Martínez H. y Ramos Morales P.  
EVALUACIÓN DEL POTENCIAL GENOTÓXICO DE LAS BEBIDAS ENERGÉTICAS RED-BULL Y BOOST EN EL SISTEMA *in vivo* DE *Drosophila melanogaster*.

III.18. Islas Guzmán M. J. y Ramos Morales P.  
COMPARACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DEL PROMUTAGENO DIMETIL-NITROSAMINA EN CEPAS DE *Drosophila melanogaster* SELECCIONADAS PARA RESISTENCIA A LA AZIDA DE SODIO.

III.19. Espinoza Camacho M. J, Hernández Bernal B.y Ramos Morales P.  
DETERMINACIÓN DEL POSIBLE EFECTO MUTAGÉNICO DE TREDNA EN *Drosophila melanogaster*

**19:00 a 20:00 Sesión de Negocios**

**Sábado 9 de octubre**

**SESION VII, PRESENTACIONES ORALES**

**Coordinadora: Dra. Sara Frías Vázquez**

10:00 a 10:20 Mejía O., Polaco O.J. y Zúñiga G.  
ESTRUCTURA GENÉTICO-POBLACIONAL DE LA LAMPREA DE AGUA DULCE LAMPETRA GÉMINIS.

10:20 a 10:40 Sierra Martínez M., Cruz Rico J., Pérez Vera P. y Vergara, M. D.  
DETECCIÓN DE ALTERACIONES CROMOSÓMICAS DE PACIENTES ADULTOS CON LEUCEMIA AGUDA LINFOBLÁSTICA POR MEDIO CITOGENÉTICA CONVENCIONAL Y MOLECULAR.

10:40 a 11:00. Zschoeck M., Castañeda Vazquez H. y Sommerhäuser J.  
RELACION GENETICA DE Staphylococcus aureus AISLADOS DE GLANDULA  
MAMARIA BOVINA CON MASTITIS DE UN HATO LECHERO.

11:00 a 11:20 Villalobos Pietrini R., Guzmán Rincón J. y Amescua García C.  
FACTORES QUE INFLUYEN EN LA FRECUENCIA DE LAS ESPECIALIDADES DE  
LOS TRABAJOS PRESENTADOS EN LOS CONGRESOS DE LA SOCIEDAD  
MEXICANA DE GENÉTICA.

11:20 a 11:40 Villalobos Pietrini R., Guzmán Rincón J., Olvera Ramírez O. y Amescua García  
C. EL ORIGEN DE LA GENÉTICA EN MÉXICO

**11:40 a 12:20. Conferencia**

**HISTORIA DE LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA. Judith Guzmán Rincón  
y Rafael Villalobos Pietrini.**

**Coordinador: Dr. Miguel Betancourt Rule.**

**12:30 a 13:30 Premiación**

**13:30 a 14:00 Clausura**



## SESIÓN I. PRESENTACIONES ORALES

### ANÁLISIS COMPARATIVO POTENCIAL GENOTÓXICO DEL ESTRADIOL Y SUS METABOLITOS PRIMARIOS A TRAVÉS DE LA PRUEBA DE MUTACIÓN Y RECOMBINACIÓN SOMÁTICA (SMART) EN ALAS DE *Drosophila melanogaster* Y DEL ANÁLISIS DE ESTRUCTURAS ANAFÁSICAS Y MICRONÚCLEOS EN HABA (*Vicia faba*)

Gavtán Ovarzún J.C<sup>1</sup>, Gómez Arroyo S<sup>2</sup> y Gordillo Martínez AJ<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Lab. de Genética, Centro de Investigaciones Biológicas, UAEH. Ciudad Universitaria, Carretera Pachuca Tulancingo Km. 4.5 s/n C.P. 42184 Tel. 01 771 71 72000 Ext. 6642 Fax Ext. 2112 [jcgavtan@uaeh.reduaeh.mx](mailto:jcgavtan@uaeh.reduaeh.mx) <sup>2</sup>Lab. de Citogenética, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM. Ciudad universitaria s/n Coyoacan, C.P. 04510 México D.F. [slga@troposfera.atmosfca.unam.mx](mailto:slga@troposfera.atmosfca.unam.mx) <sup>3</sup>Lab. Química Ambiental, Centro de Investigaciones Químicas, UAEH Ciudad Universitaria, Carretera Pachuca Tulancingo Km. 4.5 s/n C.P. 42184 Tel. 01 771 71 72000 Ext. 6500 [gordillo@uaeh.reduaeh.mx](mailto:gordillo@uaeh.reduaeh.mx)

El uso de hormonas en la ganadería contemporánea es necesario en aplicaciones terapéuticas y para ampliar el conocimiento de la regulación de las funciones sexuales sobre la base de los conocimientos científicos, favoreciendo el manejo y explotación de este tipo de animales. Sin embargo, no se conoce los efectos secundarios de estos, en los organismos expuestos, debido a que el compuesto original y/o sus metabolitos pueden ser liberados al ambiente a través de fluidos corporales y afectar de manera indirecta a otros organismos. En las últimas dos décadas, los estudios epidemiológicos han demostrado en repetidas ocasiones una relación entre los estrógenos con el aumento de riesgo a los procesos cancerígenos y sobre todo a bajas dosis. Pese a que existen datos de efectos negativos pero a concentraciones altas y que la administración clínica de estrógenos sigue siendo aceptada por la mayoría de los epidemiólogos, como un factor de riesgo aceptable en humanos con base a sus beneficios terapéuticos y a corto plazo. Con base a lo anterior, y que el ser humano puede estar expuesto a estos compuestos a través de diversas formas, en el presente trabajo se evaluó los posibles efectos citotóxicos y genotóxicos inducidos por estrógenos y sus metabolitos primarios presentes en fluidos corporales y liberados al ambiente, a través la inducción de mutaciones y recombinación somática en *Drosophila melanogaster* (SMART) y de la inducción de estructuras anafásicas y micronúcleos en los meristemas apicales de las raíces del haba (*Vicia faba*) con el objetivo de identificar sensibilidad diferencial entre ambos bioensayos. En ambos bioensayos, se analizó el estradiol y sus dos metabolitos primarios el estriol y la estrona, a tres dosis subtóxicas (1000, 100 y 10 ppm), y los resultados demuestran una capacidad genotóxica del estradiol y del estriol a bajas concentraciones (10 ppm), lo que justifica los primeros reportes de no genotoxicidad encontrados en la literatura, debido a que fueron probados a altas concentraciones así como una semejante sensibilidad entre los dos bioensayos.

### DIFERENCIACIÓN GENÉTICA-POBLACIONAL EN DOS ESPECIES DE TIBURONES EN EL PACÍFICO MEDIANTE SSCP

Castillo Olgún E y Uribe Alcocer M

Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, UNAM, [esc766@yahoo.com.mx](mailto:esc766@yahoo.com.mx), [uribe@mar.icmvl.unam.mx](mailto:uribe@mar.icmvl.unam.mx)

Los tiburones son un grupo de organismos que cuentan con una gran cantidad de especies; en nuestro país se ubican dentro de los primeros 12 grupos que sustentan la pesquería nacional, principalmente en el litoral del Pacífico. Debido a que los tiburones son vulnerables a la sobreexplotación por su madurez sexual tardía, sus bajas tasas de reproducción y fecundidad, y ya que existen factores oceanográficos importantes que pueden estar influyendo en el desplazamiento de los tiburones así como zonas de crianza en el Pacífico mexicano es importante evaluar los niveles de variación genética y determinar la presencia de estructura genética poblacional, que ayuden a establecer estrategias más adecuadas para mantener niveles óptimos de variación en las poblaciones explotadas. Algunos estudios han reportado la ausencia de una estructura poblacional y baja variación genética en algunas especies de tiburones con isoenzimas y RFLP's, sin embargo al utilizar otras técnicas moleculares, se han encontrado evidencias de estructura poblacional para otras especies. En este trabajo se analizaron ocho muestras del Pacífico mexicano, correspondientes a dos diferentes especies de tiburones (*Carcharhinus falciformis* y *Sphyrna lewini*) con la técnica de SSCP's (Single Strand Conformation Polimorphism), utilizando un fragmento de 346pb de DNA mitocondrial y realizando los análisis pertinentes para obtener estimaciones de diversidad, divergencia poblacional y probar el ajuste al modelo de aislamiento por distancia, entre otros. Los valores de variación fueron relativamente altos para ambas especies de acuerdo a los reportados; los índices de divergencia permitieron observar la presencia una muy ligera diferencia poblacional para *C. falciformis*, así como una estructura más marcada para *S. lewini*, lo cual puede deberse a factores etológicos de cada una de estas especies, pues esta última especie presenta agrupamientos sociales mejor conformados que *C. falciformis*. Sin embargo, no se encontró un patrón específico de aislamiento por distancia, esto puede ser explicado por la complejidad de factores oceanográficos que puedan modificar dichos patrones de una temporada a otra.

## EFFECTO DEL RITMO CIRCADIANO EN EL PERFIL DE LA EXPRESIÓN DE UN GEN TIPO CALMODULINA Y UNA $\beta$ -GLUCOSIDASA, Y ACTIVIDAD ENZIMÁTICA EN FRIJOL ANTE *Colletotrichum lindemuthianum*

Alvarado Gutiérrez A, Fraire Velázquez S y Almanza Sánchez L

Depto. de Biología Molecular de Plantas. U. Académica de Biología Experimental, UAZ. Av. Revolución S/N, Col. Tierra y Libertad, Gpe, Zacatecas, C. P. 98600. Tel. 492 92 113 26. [sfraire@cantera.reduaz.mx](mailto:sfraire@cantera.reduaz.mx)

**INTRODUCCIÓN.** Los eucariontes y muchos procariontes se han adaptado al ciclo de las 24 h día/noche (luz/oscuridad) mediante el ritmo circadiano, un sistema biológico que controla muchos aspectos del metabolismo, fisiología y comportamiento. En plantas, en reacción de defensa ante microorganismos patógenos, algunos datos muestran que el ritmo circadiano tiene una función esencial. Se ha documentado por ejemplo, que genes que codifican para las enzimas de la ruta de los fenilpropanoides presentan un incremento al amanecer. Estudios previos muestran participación de homólogos de estos genes tipo calmodulina y  $\beta$ -glucosidasa en reacciones de incompatibilidad. **OBJETIVO.** El propósito del presente trabajo fue estudiar el efecto del fotoperíodo a lo largo de las 24 horas del día en el perfil de la expresión de un gen tipo calmodulina y una  $\beta$ -glucosidasa (ac: AF451279), así como en la actividad enzimática  $\beta$ -glucosidasa en planta de frijol retada con razas virulenta y avirulenta de *Colletotrichum lindemuthianum*. **METODOLOGÍA.** Plantas de frijol, cultivar Michigan Dark Red Kidney fueron inoculadas al inicio del día y la noche con las razas del hongo patógeno *C. lindemuthianum*, muestreando tejido vegetal cada dos horas a lo largo de las 24 horas para la extracción de los RNA totales y proteínas. Se determinó los niveles de expresión de genes mediante ensayos tipo northern blot y la actividad enzimática  $\beta$ -glucosidasa utilizando el sustrato nitrofenil glucopiranosido (nPG). **RESULTADOS.** De los ensayos de northern blot encontramos que en reacción de incompatibilidad, el gen tipo calmodulina mantiene sobreexpresión durante las 24 horas del día; mientras que  $\beta$ -glucosidasa en oscuridad desciende de nivel con cinética opuesta. En los ensayos de actividad enzimática  $\beta$ -glucosidasa en reacción de resistencia muestra mayor actividad durante el día y desciende durante la noche con actividad más baja que plantas susceptibles y control. **CONCLUSIONES.** La mayor expresión del gen  $\beta$ -glucosidasa y actividad enzimática coinciden a tiempos tempranos post-inoculación en planta resistente y condiciones de luz. El ritmo circadiano mostró un impacto importante en los niveles de expresión de los dos genes estudiados, particularmente en interacción de resistencia de la planta a tiempos tempranos post-inoculación y al inicio del día.

## DETERMINACION DE LOS EFECTOS DE LA QUIMIOTERAPIA MOPP SOBRE LA PRODUCCION DE ESPERMATOZOIDES EN PACIENTES CON ENFERMEDAD DE HODGKIN.

<sup>1</sup>Molina B, <sup>1</sup>Sánchez S, <sup>2</sup>Niembro A, <sup>2</sup>Rivera Luna R, <sup>3</sup>Frías G, <sup>4</sup>Carnevale A y <sup>1</sup>Frías S

<sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética, <sup>2</sup>Subdirección Hemato-Oncología, <sup>3</sup>Depto. de Oncología Pediátrica, Centro Médico 20 de Noviembre, ISSSTE, <sup>4</sup>Dirección de Investigación, Instituto Nacional de Pediatría, SS., México, DF [bertha\\_molina@hotmail.com](mailto:bertha_molina@hotmail.com)

**Antecedentes.** La terapia anticáncer para la enfermedad de Hodgkin (EH) contempla la aplicación de quimioterapia (QT), con varios regímenes como MOPP (mercloretamina, vincristina, procarbazona y prednisona) que se puede aplicar sola o combinada. La procarbazona es uno de los tres compuestos que pueden llegar a las células madre germinales. En nuestro país no se han estudiado los efectos adversos de esta QT sobre la espermatogénesis. **Objetivo.** Estudiar a todos los pacientes con EH que acuden a la Clínica de Sobrevivientes de Cáncer del INP que fueron tratados con MOPP, para determinar si existen alteraciones en su espermatogénesis. **Metodología.** La población de estudio estuvo formada por 19 pacientes con EH y 8 voluntarios normales. De los 19 pacientes, a 13 se les aplicó la QT antes de la pubertad (0-10 años de edad), cuatro después de la pubertad (=13 años) y dos en edad intermedia a éstas. El tiempo después de haber recibido el tratamiento varió de dos a 20 años. Todos los individuos contestaron un cuestionario sobre exposición a mutágenos; en todos ellos se realizó la espermatobioscopia y se analizó de acuerdo a los criterios de la OMS. **Resultados.** El análisis de semen reveló que los ocho individuos normales tuvieron espermatobioscopias normales y de los 19 pacientes, seis tuvieron volumen anormal y 18 motilidad anormal; la densidad espermática fue normal en cuatro y anormal en 15, de los cuales ocho mostraron oligospermia (< 20x10<sup>6</sup>espermatozoides/ml) y siete azoospermia. De los pacientes tratados prepuberalmente, 5/13 son azoospermicos aún 14 años después de la QT; Cuando la terapia se aplicó en edad intermedia o postpuberal, todos tuvieron espermatozoides, esta diferencia fue estadísticamente significativa (p<0.05). **Conclusiones.** A pesar del tamaño de la muestra, se observó que tanto el tiempo transcurrido después de la QT como la edad en la que se aplica influyen en la producción de espermatozoides. Estos hallazgos sugieren que la QT puede actuar sobre las células gonadales y/o somáticas para alterar la espermatogénesis.

Proyecto financiado por CONACYT No. 32557-M.

## **ALTERACIONES EN LA REGULACIÓN GÉNICA CAUSADAS POR LOS INSECTICIDAS MALATIÓN Y DIAZINÓN DURANTE LA OVOGÉNESIS TEMPRANA**

Bonilla E, Mendoza M, Carrillo E, Cortés L\*, Hernández F\*, Mejía J, Betancourt M.

Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. \*Departamento de Patología Experimental, CINVESTAV.

Aunque los plaguicidas han favorecido la producción agrícola y el combate de enfermedades humanas y animales, el uso indiscriminado de estas sustancias y la ausencia de normas efectivas de prevención de daño, han determinado la aparición de problemas que inciden sobre la salud humana y la sobrevivencia de numerosas especies de animales silvestres. Entre los insecticidas, los compuestos organofosforados son los mayormente usados. Dado que no se ha llevado a cabo una adecuada valoración toxicológica, de la mayoría de estos compuestos, especialmente en cuanto a los efectos que pudieran tener en la reproducción, el objetivo del presente estudio fue analizar el efecto, dos insecticidas organofosforados ampliamente utilizados en México y otros países, el, malatión y diazinón durante la ovogénesis temprana en los mamíferos, usando como modelo al ratón. Para obtener información acerca de los mecanismos moleculares del daño causado por estos plaguicidas, se desarrolló un análisis de la expresión génica en los ovocitos control y los ovocitos expuestos in vitro a estos insecticidas mediante la construcción de una genoteca de cDNA de ovocitos y el desarrollo de análisis diferenciales utilizando sondas de cDNA de ovocitos control y tratados con los plaguicidas. El diazinón mostró tener un mayor efecto en la sobrevivencia de los ovocitos en cultivo. Con 900 nM de diazinón se obtuvo una viabilidad del 50% en tanto que para obtener un porcentaje de sobrevivencia similar con malatión se necesitó de una dosis de 250 µM. De los clones seleccionados que fueron expresados diferencialmente por efecto del diazinón dos tuvieron homología con el gene de la citocromoxidasa III y otro con el de la proteína ribosomal S5. El malatión produjo expresión positiva del gene de la proteína BP75 y otro con expresión negativa correspondió a DNA mitocondrial. Los resultados del análisis de la expresión génica indican que malatión y diazinón pueden afectar la función mitocondrial, así como los procesos de transcripción y traducción en ovocitos de mamíferos durante la ovogénesis temprana aún en concentraciones mucho menores a las que causan la muerte de los organismos.

Proyecto financiado por CONACYT clave 5-37923-B, otorgado a MB.

## **SESIÓN II. PRESENTACIONES ORALES**

### **INFERENCIAS SOBRE LA GENOTOXICIDAD Y CITOTOXICIDAD DE LA VINBLASTINA Y LA VINCRISTINA A TRAVÉS DEL ANÁLISIS DE LA CINÉTICA DE INDUCCIÓN DE RETICULOCITOS MICRONUCLEADOS *In vivo***

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

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. pmr@nuclear.inin.mx

El objetivo del presente estudio es hacer inferencias sobre la acción citotóxica y genotóxica de los antineoplásicos aneuploidógenos vinblastina y vincristina, a partir del análisis de su cinética de inducción de EPC-MN en ratón in vivo. La cinética de formación de EPC-MN se determinó midiendo su frecuencia en 2000 EPC durante 72 h. A los ratones se les tomaron muestras de sangre de la cola antes del tratamiento y cada 8 h después de la exposición aguda con diferentes dosis del mutágeno, las cuales se recibieron en laminillas, se hicieron frotis y se tiñeron con May-Grunwald-Giemsa. Para cada tratamiento se integraron grupos de al menos 3 ratones cada uno. Se observó que los tiempos de inducción máxima para los dos agentes se incrementan con la dosis y que con las dosis más altas aparece más de un pico. Además, que la inducción de EPC-MN es proporcional a la dosis con ambos agentes. El análisis de la cinética de inducción de EPC-MN reveló que el tiempo de inducción inicial es alrededor de 5 h mayor que el previamente observado con colchicina, pero que el tiempo de inducción máxima es similar, asimismo, se observó que la velocidad máxima es substancialmente mayor en la cinética de alcaloides que en la de la colchicina. Se puede concluir que las diferencias en el mecanismo de acción de los vinca alcaloides y la colchicina se ven reflejadas en su cinética de inducción de EPC-MN y pueden explicar las diferencias de eficiencia en la inducción de MN. Por otra parte se obtuvo evidencia de un efecto aneuploidógeno a largo plazo a dosis altas, lo cual posiblemente esté relacionado con la acumulación de los vinca alcaloides o con la persistencia de subunidades de tubulina unidas a los mismos.

## **EFFECTO DE INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE EN LA PRODUCCIÓN DE LECHE DIARIA DE VACAS F1 HOLSTEIN-CEBÚ.**

López Baños B., Carmona Medero MA<sup>1</sup>, Esperón Sumano AE<sup>1</sup> y Ortiz Muñiz A  
Facultad de Estudios Superiores-Cuautitlán, UNAM.

El objetivo de este trabajo es evaluar el efecto de la interacción genotipo-ambiente en vacas F1 Holstein-Cebú, explotadas en condiciones tropicales bajo un régimen de pastoreo y suplementación parcial con melaza al 5% de urea en el momento de la ordeña, así como sales minerales expuestas todo el día. Para lo cual se utilizó una metodología basada en un modelo de regresión lineal, capaz de medir los efectos de interacción genotipo-ambiente. Se analizaron los registros diarios de 208 lactaciones de vacas F1 Holstein-Cebú. En esta metodología se estimó una media general de producción diaria de leche 6.9 kilos, se calcularon los promedios ambientales, efectos ecológicos y efectos ecológicos estandarizados así como la desviación estándar de los efectos ecológicos el cual fue de  $\sigma = 0.978$ . Los valores a  $\beta$  de cada recta (vaca), fueron estimados considerando la producción mensual de cada hembra (fenotipo) como la variable dependiente y los efectos ecológicos estandarizados como la variable independiente. Graficando las rectas de regresión de cada vaca a  $\pm$  dos desviaciones estándar de los efectos ecológicos en el eje de las abscisas, se encontró que las pendientes de cada vaca en su mayoría interaccionan entre sí. Por otra parte al comparar las pendientes de la primera y segunda lactancia de una misma vaca mediante pruebas "t" a un nivel de significación de  $p < 0.01$  se determinó que aproximadamente el 50% de las vacas tuvieron la misma pendiente. Estos resultados plantean la posibilidad de utilizar los valores alfa y beta de cada vaca como criterios de selección dependiendo del ambiente para el cual se desea explotar dichas hembras.

## **TIROSINA PARA EL SITIO EN CONFLICTO 698 EN EL GEN PDEB EN PACIENTES CON RETINOSIS PIGMENTOSA Y POBLACION DEL OCCIDENTE DE MEXICO**

Núñez Gutiérrez ICI<sup>2</sup>, García Cruz D<sup>1</sup>, Frago Herrerra R<sup>1</sup>, Figuera Villanueva L<sup>1</sup>, Barros Núñez P y Medina Lozano C<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>División de Genética. Centro de Investigación Biomédica de Occidente-IMSS; <sup>2</sup>Doctorado en Genética Humana, Universidad de Guadalajara; Guadalajara, Jalisco, México

**ANTECEDENTES:** La subunidad beta de la fosfodiesterasa (PDEB) (4p16.3) participa en la fototransducción en las células bastón de la retina. Se conocen al menos 28 mutaciones que causan retinosis pigmentosa (RP) hereditaria y 7 sitios en conflicto. El sitio de conflicto 698 se localiza en el exón 17, que es parte del dominio PDEasa de la proteína. El conflicto es debido a la asignación putativa al sitio de los aminoácidos isoleucina y tirosina, codificados por los tripletes ATC y TAC respectivamente. **MATERIAL Y MÉTODO:** Se analizaron los productos de PCR del exon 17 de 50 pacientes con retinosis pigmentosa y de 50 individuos sanos por análisis de restricción con la enzima RsaI, que reconoce el triplete TAC. Además los productos de PCR de dos pacientes y de un individuo sano fueron analizados por secuenciación automatizada. **RESULTADOS:** Los 200 cromosomas fueron positivos para el sitio de restricción RsaI. El triplete TAC estuvo presente en los electroferogramas de las tres muestras secuenciadas. Ninguna mostró digestión parcial con RsaI, ni en los electroferogramas se observó doble señal, descartándose la presencia de un estado heterocigoto. El triplete TAC estuvo presente en los 200 cromosomas y consecuentemente tirosina es el aminoácido localizado en el sitio 698 de la proteína PDEB. El análisis tridimensional de la proteína PDEB indica que tirosina 698 ocupa una posición con una prominente proyección externa; una sustitución hipotética por isoleucina produce importantes cambios en la conformación estructural del dominio PDEasa y muy probablemente también afecte la actividad enzimática de la proteína.



## **ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE *Dendroctonus pseudotsugae* Hopkins (Coleoptera: Scolytidae) MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES.**

Ruiz EA y Zúñiga G

Laboratorio de Variación Biológica y Evolución, Departamento de Zoología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Prolongación de Carpio y Plan de Ayala s/n Col. Casco de Santo Tomás, C.P. 11340 México DF, México. (e-mail: [ruizc@encb.ipn.mx](mailto:ruizc@encb.ipn.mx), [gzuniga@bios.ipn.mx](mailto:gzuniga@bios.ipn.mx))

**INTRODUCCIÓN:** Los escarabajos que se alimentan de las coníferas están agrupados en la familia Scolytinae. A este conjunto de insectos pertenece el género *Dendroctonus*, cuyas especies guardan entre sí relaciones taxonómicas y filogenéticas complejas. Por un lado, con base en afinidades morfológicas y biogeográficas, se ha planteado que el género se originó en México y por otro, a través de estudios cariológicos se planteó que el centro de diversificación fue en Norteamérica. Para probar esta hipótesis, es necesario desarrollar estudios complementarios. En este trabajo se sugiere que el estudio de *Dendroctonus pseudotsugae*, puede arrojar información que permita establecer si su distribución geográfica actual refleja los eventos históricos de diversificación del género. **OBJETIVO:** Estimar los patrones de dispersión de *Dendroctonus pseudotsugae*, usando medidas de estructura genética e historia poblacional a partir de datos RAPD-PCR y de un fragmento de citocromo oxidasa I. **MÉTODO:** La amplificación del DNA se llevó a cabo con 8 iniciadores. A partir de los datos de presencia/ausencia se construyó una matriz de identidades genéticas pareadas. Las relaciones genéticas se establecieron por medio de los métodos UPGMA y Neighbor-Joining. Para el segmento de la citocromo oxidasa I (COI) del mtDNA, se usaron los iniciadores C1-J-2441 y T12-N-3014. Las secuencias obtenidas fueron evaluadas por medio de métodos de Parsimonia y Distancia. **RESULTADOS Y CONCLUSIONES:** A partir de los datos RAPD, se calculó la frecuencia de los alelos y los índices de similitud y distancia de Nei. La menor distancia genética (0.0166) correspondió a la que existe entre las poblaciones de Puentesillas y Ciénega de la Vaca, mientras que la mayor (0.2268) se observa entre las de Sta. Rita y Missoula County. El promedio de las distancias genéticas de Nei fue de 0.1033. El número de secuencias obtenidas fue de 134, y una vez editadas correspondieron a un fragmento de 569 bp. La media de la proporción de las bases nucleotídicas fue: adenina: 0.41449, citosina: 0.12867, guanina: 0.15910 y timina: 0.29777, presentándose un sesgo en la composición. El fragmento de la COI tiene 175 sitios constantes y 389 sitios variables, de los cuales 133 fueron informativos parsimoniosos.

## **EFFECTO TERATOGENICO CAUSADO POR LA CASIOPEÍNA III-ia EN EMBRIONES DE RATÓN DE LA CEPA CD-I**

Bocanegra Astivia D y Altamirano Lozano MA.

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN) FES-Zaragoza, UNAM, México. E-mail: [dianovagen@yahoo.com.mx](mailto:dianovagen@yahoo.com.mx) y [maal@servidor.unam.mx](mailto:maal@servidor.unam.mx)

La casiopeína® III-ia [(4,4-dimetil,2,2-bipiridina) (acetilacetato) cobre (II) nitrato] puede ser una nueva alternativa para el tratamiento del cáncer, sin embargo deben tomarse en cuenta los posibles efectos en el organismo. Por esto, en el presente trabajo se evaluó el efecto teratogénico que puede inducir la casiopeína III-ia en fetos de ratonas preñadas de la cepa CD-1 tratadas durante el día 6 al 15 de gestación con dosis de 1.75mg/kg, 3.5 mg/kg ó 7mg/kg de peso del animal. Desde el inicio del tratamiento y hasta el día 18 las madres fueron pesadas. Al día 18 de gestación las hembras fueron sacrificadas y se extrajeron los fetos por cesárea para ser pesados, sexados y revisados al microscopio estereoscópico. Posteriormente 2/3 partes del total de los fetos obtenidos fueron fijados en alcohol, desviscerados, transparentados en KOH, teñidos con rojo de alizarina y colocados en glicerina para evaluar las posibles alteraciones esqueléticas. Los resultados obtenidos nos mostraron que la casiopeína III-ia adelantó el parto en la mitad de las hembras del grupo tratado con la dosis mas alta (7.0 mg/kg) además de incrementar el número de reabsorciones tanto tempranas como tardías y de reducir el peso fetal (0.87±0.21g de la dosis más alta vs 1.42±0.35 de los fetos del grupo testigo). Al analizar los fetos para determinar las alteraciones esqueléticas se observó que las dos dosis más altas de la casiopeína (3.5 y 7.0 mg/kg) indujeron una alta frecuencia de alteraciones esqueléticas en comparación con el grupo testigo. Se encontraron alteraciones en esternones (39.2 y 39% vs 18.3% del testigo) y costillas 9.5 y 9 % vs 0% del testigo), falta de osificación en cráneo (50% vs 0 del testigo), extremidades delanteras y traseras (40% vs 0% del testigo). Este efecto se incrementó conforme a la dosis. Los datos muestran que la casiopeína III-ia es capaz de inducir toxicidad materna (adelanto del parto), muerte fetal tanto temprana como tardía y de inducir alteraciones esqueléticas en una alta frecuencia, por lo que se le puede considerar como teratogena.

Proyecto apoyado por CONACYT proyecto SALUD C01-7677.

## CONFERENCIA MAGISTRAL

### GENETIC AND EPIGENETIC EFFECTS ON ANIMAL CLONING AND OTHER ARTS

Lawrence C Smith

Research Chair in Animal Cloning Centre de recherche en reproduction animale (CRRA) Faculté de médecine vétérinaire Université de Montréal  
Saint-Hyacinthe, QC Canada - J2S 7C6

Since the birth of Dolly, animal cloning has been successfully applied to many mammalian species, including cattle, mice, pigs, goats, cats, rabbits, horses and rats. With a few modifications to allow for species variability, the technique applied has been to introduce nuclei from partially or terminally differentiated cells into the cytoplasm of enucleated eggs, which results in the host cytoplasm “reprogramming” the nucleus back to a de-differentiated state. In spite of this remarkable achievement, the vast majority of embryos reconstructed by nuclear transfer either die before birth or produce unhealthy offspring, suggesting that a normal developmental outcome is more of an exception than a rule. Different elements of the cloning process have been blamed for alterations to the normal developmental pathway of cloned embryos. First, donor somatic cells may be developmentally compromised even before their use for nuclear transfer. Second, the host cytoplasm to which nuclei are transferred may not be sufficiently “mature” to undertake the task of reorganizing the developmental pathway of somatic nuclei. Finally, once the nucleus and cytoplasm are united, the in vitro handling of reconstructed embryos may be inadequate, leading to immediate and/or long-term consequences to fetal morbidity and mortality.

Although the biological mechanisms by which host cytoplasm and donor nuclei interact to produce a developmentally competent reconstructed embryo remain largely unknown, some advances have been made to our understanding of the genetic and epigenetic factors involved in the of reprogramming of the donor nucleus. Genetic alterations, which comprise changes to the genetic information in both the nuclear and cytoplasm compartments, are passed on to subsequent generations at fertilization and a potential source of variation among cloned animals and their offspring. Apart from the major chromosomal anomalies found in developmentally arrested embryos and fetuses, less detrimental rearrangements and/or mutations are likely to go unnoticed in most donor cell karyotypes, suggesting that such problems could lead to inheritable anomalies among clones and their offspring. Mitochondrial DNA (mtDNA) is also relevant to cloning because most animals inherit most or all of their mitochondria from the host oocyte. Nonetheless, cloned animals also carry different amounts of the mtDNA derived from the donor cell and, since the presence of more than one source of mtDNA (heteroplasmy) in humans is associated with several degenerative diseases, heteroplasmy could explain some abnormalities found in cloned offspring. Moreover, disturbed interactions between mitochondria and nuclear encoded mitochondrial factors that regulate the transcription and replication of mtDNA could also be involved. Therefore, further research is required to determine the role mitochondria play both directly and indirectly to the developmental outcome of cloned embryos.

Apart from the genetic aspects, epigenetic alterations to the DNA or to the histone packaging proteins are independent of gene sequences. Abnormalities in epigenetic mechanisms are of particular interest because of the physiological problems associated with cloning, i.e. over- and under-weight, placental abnormalities, etc. Epigenetic abnormalities could involve the dynamic nature of DNA methylation and chromatin modification patterns during early embryogenesis and the requirement of the proper inheritance for normal development. To date, the most widely investigated epigenetic modification is DNA methylation. Apart from the abnormalities in global and repetitive element DNA methylation patterns, imprinted gene expression and DNA methyltransferase expression and localization have been observed after cloning. To better understand the molecular mechanisms involved, we have aimed at characterizing the regions in imprinted genes (Snrpn, H19, Igf2, Igf2r, Mash2, etc.) that are differentially methylated (DMR) and determining the effects of cloning and other artificial reproductive technologies (ARTs) on the methylation patterns of DMRs. Although the DMR of Snrpn was hypomethylated in only some embryos derived by in vitro fertilization, most clones were hypomethylated, suggesting that poor embryo outcome in clones could be explained by the aberrant methylation of imprinted genes. Studies of histone dynamics in cloned animals revealed that removal of the somatic form of histone H1 from donor chromatin has been shown to occur shortly after nuclear transfer, within 6 to 16 h, and that the temporal pattern depends on the cell cycle stage of the donor cell and of the host oocyte. Moreover, donor cells for nuclear transfer are expected to have patterns of histone modification compatible with their context relative to differentiation (e.g. granulosa cells vs. fibroblasts). It is possible that the state of histone tail modification of donor cells alters the course of development of the reconstructed embryo, and little is known about histone reprogramming in the embryo.

In conclusion, somatic cell nuclear transfer results in a variety of lethal anomalies and these afflict a high proportion of reconstructed embryos. In contrast, numerous healthy clones from several mammalian species have been born and seem to show no apparent health or reproductive problems, suggesting that both genetic and epigenetic errors are minimal or absent in these animals. Further, genetic and epigenetic anomalies appear absent in offspring of cloned animals derived by sexual reproduction. This notwithstanding, genetic errors are highly likely to be transmitted via the germline. It is also highly possible that epigenetic alterations and their consequences will appear in offspring. Consequently, further research and fine molecular screening of somatic tissues and gametes is required to determine the long-term effects of cloning on healthy animals and their offspring. This information is required not only to evaluate the economic benefits to the animal breeding industry but also to reassure the public of the social advantages of applying animal cloning to our natural resources.

## SESIÓN I. PRESENTACIONES EN CARTEL

### EFFECTO DEL EXTRACTO ACUOSO DE LA SEMILLA MADURA DE *Carica papaya* SOBRE LA MOVILIDAD Y VIABILIDAD ESPERMÁTICA.

Ramírez Hernández Andrea<sup>1,2</sup>, Alarcón Aguilar Francisco J<sup>1</sup>, Fierro Pastrana Reyna<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Farmacología, Depto. Ciencias de la Salud, UAM-I. <sup>2</sup>Laboratorio de Biología Celular, Depto. Ciencias de la Salud, UAM-I.

En medicina tradicional se conoce un número considerable de plantas con actividad espermicida como *Carica papaya*, de la familia *Caricaceae*. En este trabajo se determina el efecto sobre la viabilidad y movilidad espermática de extractos acuosos de semilla de *C. papaya*, empleando en espermatozoides de cerdo. Se prepararon extractos de la semilla, con y sin mucílago. La muestra de espermatozoides de cerdo se obtuvo mediante el método de la mano enguantada. Se colocaron 12 x 106 espermatozoides en medio TALP-HEPES adicionado los extractos a diferentes concentraciones y se incubaron a 37°C. Se evaluó la movilidad espermática a 1, 30 y 60 minutos después de agregado el extracto. La viabilidad se determinó a los mismos tiempos mediante tinción de eosina-nigrosina, contando 100 espermatozoides por tratamiento. Los datos se analizaron mediante la prueba de U de Mann-Whitney. Los espermatozoides tratados con el extracto de semilla completa al 1% no presentan diferencia de movilidad con respecto al control. A concentraciones de 2, 3, 4 y 5 % hubo diferencia estadística con el control ( $p < 0.05$ ) a todos los tiempos. Se observa que a concentración de 5% la movilidad se inhibe. Los porcentajes de viabilidad presentaron una diferencia estadística en todas las concentraciones probadas con respecto al control ( $p < 0.05$ .) La movilidad de los espermatozoides tratados con el extracto acuoso al 2% de la semilla sin mucílago, no mostró diferencia estadística con respecto al control. La concentración de 2% presenta una disminución de la movilidad (85% a un minuto y 10% a los 60 minutos.) Las concentraciones de 3, 4 y 5% muestran inhibición total de la movilidad. La viabilidad de los espermatozoides tratados con dicho extracto a concentración 1 y 2% muestra una diferencia estadística con respecto al control. Con las otras concentraciones se observaron diferencias solamente en algunos tiempos. Se puede concluir que el extracto acuoso de semilla completa reduce la viabilidad de los espermatozoides hasta en un 40 %. El extracto sin mucílago disminuye la movilidad pero no afecta la viabilidad.

## **DETERMINACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE UNA PLANTA UTILIZADA EN MEDICINA TRADICIONAL PARA LA DIABETES MELLITUS TIPO 2 EN EL BIOENSAYO SMART DE *Drosophila melanogaster*.**

Bárceñas Rodríguez HV, Castañeda Sortibrán AN, Ordaz Téllez MG y Rodríguez Arnaiz R  
Facultad de Ciencias, UNAM. [america@miranda.ecologia.unam.mx](mailto:america@miranda.ecologia.unam.mx)

*Equisetum myriochaetum* es una planta mexicana usada en la medicina tradicional para tratar varias enfermedades relacionadas con el riñón y la *diabetes mellitus* tipo 2. La planta medicinal se conoce popularmente como “cola de caballo”, sus principales compuestos son flavonoides. El presente estudio trata de la evaluación genotóxica del extracto fitoterapéutico de *Equisetum myriochaetum* en el ensayo de mutación somática y recombinación mitótica (SMART) en las alas en *Drosophila melanogaster*. El extracto fue administrado de forma aguda (6 horas) a larvas de 3 días de edad ( $72 \pm 3$ hrs) con 8 concentraciones diferentes determinadas mediante un ensayo de LD50. Dos cruces diferentes que involucran los marcadores flr (flare) y mwh (multiple wing hairs) fueron usadas: la estándar (ST) con bioactivación normal y la cruce de alta bioactivación (HB) en la cual las moscas tienen una alta capacidad de biotransformación dependiente de los citocromos P450 los cuales se sobreexpresan en forma constitutiva. En ambas cruces sólo se analizó la progenie transheterocigota. Los resultados mostraron que no hay diferencias estadísticamente significativas en la frecuencia de manchas entre el control (agua) y las series tratadas (0.78, 1.56, 3.12, 6.25, 12.5, 25, 50, 500 ppm del extracto de *E. myriochaetum*). Para evaluar los posibles efectos teratogénicos inducidos por el extracto de *E. myriochaetum* se utilizaron moscas de la cepa silvestre a las cuales se les administró el extracto fitoterapéutico en 8 concentraciones diferentes desde el primer estadio larvario hasta adultos. Los resultados sugieren que el extracto fitoterapéutico de *E. myriochaetum* no es genotóxico ni teratogénico en las células somáticas de *Drosophila melanogaster*.

## **EXPRESIÓN DE GENES SINA, SUMO Y $\beta$ -GLUCOSIDASA, Y CITOLOGÍA EN SEIS GENOTIPOS DE FRIJOL EN RESPUESTA DE DEFENSA ANTE ANTRACNOSIS.**

Alvarado Gutiérrez A, Fraire Velázquez S, Saucedo Ruiz M y De la Cruz Rodríguez Y  
Departamento de Biología Molecular de Plantas. U. Académica de Biología Experimental, UAZ. Av. Revolución S/N, Col. Tierra y Libertad, Guadalupe, Zacatecas, C. P. 98600. Tel. 492 92 113 26. [sfraire@cantera.reduaz.mx](mailto:sfraire@cantera.reduaz.mx)

**INTRODUCCIÓN.** Dentro de un grupo de variedades de una misma especie de planta, el perfil de expresión de genes de defensa, la respuesta de hipersensibilidad (RH) que significa muerte del tejido en la planta donde intenta ingresar el patógeno, así como el grado de infección y desarrollo que alcanza el patógeno en el tejido vegetal, difiere y correlaciona de acuerdo con los genotipos de las partes interactuantes (planta y microorganismo.). Por otro lado, a nivel molecular en una interacción planta-patógeno, se ha documentado que las diferentes respuestas de defensa activadas tienen efectos aditivos y no necesariamente sinérgicos. **OBJETIVO.** El propósito del presente trabajo fue analizar a nivel molecular y celular la variabilidad natural de la respuesta de defensa en seis variedades de frijol ante tres razas nativas de *Colletotrichum lindemuthianum*. **METODOLOGÍA** Se analizó la interacción de seis variedades de frijol inoculadas con tres razas del hongo patógeno *C. lindemuthianum*, estudiando por microscopía la variabilidad en la respuesta de hipersensibilidad, el desarrollo alcanzado por los hongos, y mediante ensayos de northern blot se determinó el nivel de expresión de tres genes previamente reportados con sobreexpresión en reacción de incompatibilidad (SUMO ac: AF451278;  $\beta$ -glucosidasa ac:AF451279; SINA ac:AF451280) y una nueva proteína tipo calmodulina. **RESULTADOS.** Ocho patosistemas presentaron incompatibilidad: las variedades Manzano, Negro Zacatecas y Pinto Villa en interacción con razas 256, 448 y 1472, a excepción de la combinación NZ/1472. Los mayores niveles en respuesta de hipersensibilidad y menores desarrollos de patógenos en reacciones incompatibles, con algunas excepciones. Sobresalen las variedades Manzano y Negro Zacatecas con expresión del gen SINA; y Negro Zacatecas, Manzano, Pinto Villa y Flor de Mayo Sol con el gen  $\beta$ -glucosidasa. **CONCLUSIONES.** Las interacciones de incompatibilidad correlacionaron con mayores niveles de respuesta de hipersensibilidad y menores avances del desarrollo de los patógenos, pero no en todos los casos con los mayores niveles de expresión de genes. La sobreexpresión de uno de estos genes en variedad susceptible, puede significar que la totalidad de las respuestas de defensa específicas y necesarias para la supresión del hongo están incompletas, lo que trae por consiguiente el éxito del patógeno.

## **SENSIBILIDAD DE LAS LINEAS CELULARES DE PACIENTES CON ANEMIA DE FANCONI A LA HIDROXIUREA**

Hernández A, Molina B, Velasco L, Carnevale A, Frías S.

Laboratorio de Citogenética, Depto. Inv. Genética Humana y Dirección de Investigación, Instituto Nacional de Pediatría, México D.F.  
jardi@servidor.unam.mx

**ANTECEDENTES.** La anemia de Fanconi (AF), es una enfermedad autosómica recesiva, con alta frecuencia de aberraciones cromosómicas espontáneas e hipersensibilidad a agentes alquilantes bifuncionales. Existen 11 grupos de complementación de los cuales se han clonado 8 genes, pero aún se desconoce el defecto básico. En trabajos previos de nuestro laboratorio, hemos visto que las células AF son hipersensibles a la hidroxiurea a nivel de síntesis programada de DNA, en comparación con células normales y que la hidroxiurea aplicada en la fase G2 induce un aumento significativo de aberraciones en los grupos AF-A, B, C, D1 y E; este daño se eleva aún más con pre-tratamiento con mitomicina-C, pero con una diferente frecuencia de aberraciones cromosómicas en cada grupo AF, lo cual sugiere una sensibilidad diferencial a hidroxiurea. **OBJETIVO.** Determinar el efecto de la hidroxiurea sobre la viabilidad y densidad celular de los linfoblastos de anemia de Fanconi de los grupos AF-A, AF-B, AF-C, AF-D1, AF-E y una línea normal. **Metodología.** Se utilizaron líneas linfoblastoides provenientes de pacientes con AF, de los grupos A, B, C, D1, E y una línea normal. Se sembraron 100,000 células en cajas multipozos con medio RPMI suplementado con 10% de suero fetal de bovino, 24 horas después se adicionó hidroxiurea a diferentes concentraciones entre 0 y 2 mM. Se monitoreo la población celular en un cultivo control y al triplicarse, en todos los grupos se hicieron estudios de viabilidad con azul tripano utilizando un hemocitómetro y densidad celular utilizando un contador electrónico. El experimento se realizó por triplicado. **RESULTADOS.** Todas las líneas AF mostraron mayor sensibilidad que la línea normal. La concentración de hidroxiurea que abatió la población celular al 50% en cada línea AF fue diferente: 0.04 mM en AF-A, ~0.08 en AF-E, ~0.1 en AF-B y D1 y 0.2 en AF-C. **CONCLUSIONES.** El fenotipo celular AF incluye sensibilidad celular a hidroxiurea. De acuerdo a lo esperado, los grupos de complementación estudiados son diferencialmente sensibles a la hidroxiurea, el grupo más afectado fue el AF-A y el menos el AF-C.

Este trabajo fue parcialmente financiado por CONACYT, proyecto 3388PN.

## **DETERMINACIÓN DE LA FRECUENCIA DEL DAÑO ESPONTÁNEO DE MALFORMACIONES EN COLUMNA VERTEBRAL, OPÉRCULO Y ALETA DEL PEZ CEBRA (*Brachidanio rerio*) PARA POSTULARLO COMO POSIBLE BIOMARCADOR PARA LA EVALUACIÓN DE DAÑO TERATOGÉNICO INDUCIDO**

<sup>1</sup>Rivera Castillo I <sup>1</sup>González Ledesma L, <sup>1</sup>Gaytán Oyarzún JC, <sup>2</sup>Olvera Quezada H y <sup>2</sup>Pérez Cruz E

<sup>1</sup>Laboratorio de Genética, Centro de Inv. Biol, UAEH, Carr. Pachuca-Tulancingo Km. 4.5 S/N, CP 42184, Tel. 01771- 72000 Ext. 6602.

<sup>2</sup>Laboratorio Acuario. Fac Ciencias, UNAM, Ciudad Universitaria s/n Coyacán, México Tel. 0155- 56224894 [ho\\_quezadas@msn.com](mailto:ho_quezadas@msn.com)

En la actualidad, los organismos interactúan de manera permanente con una gran cantidad de sustancias, tanto de origen antropogénico como natural, en donde muchas de estas, pueden ser tóxicas y/o presentar efectos nocivos a la salud. Para ello en la actualidad la genética toxicológica utiliza una variedad de organismos capaces de manifestar alteraciones bioquímicas, morfológicas, fisiológicas y genéticas entre otras, como respuesta a las alteraciones del medio. Para evaluar la calidad ambiental a través del impacto biológico, y poder evaluar el riesgo a la exposición a agentes contaminantes, se requiere de indicadores biológicos y su correlación con análisis químicos ambientales. Los indicadores biológicos son organismos sensibles a los agentes químicos, manifestando una serie de cambios medibles y fácilmente distinguibles denominados biomarcadores, los cuales son reproducibles e inducibles, de tal manera que se puede asociar a la exposición a un agente xenobiótico. Con base a lo anterior y que en la actualidad se utilizan gran cantidad organismos para evaluar la calidad ambiental, a pesar de que siempre se está en la búsqueda de más y mejores indicadores biológicos que reflejan fielmente la calidad ambiental. En este trabajo se propone a las malformaciones de columna vertebral, opérculo y aleta del pez cebra (*Brachidanio rerio*) como bio marcadores que permitan postular al pez cebra como un buen indicador para valorar los efectos teratogénicos inducidos por contaminantes ambientales, a través del análisis de la frecuencia de aparición de malformaciones presentes en columna vertebral, opérculo ó aleta; clasificando las diferentes malformaciones, identificando su facilidad de análisis, su reproducibilidad, así como sus ventajas y desventajas para su evaluación. Los resultados obtenidos hasta el momento muestran que como mejor biomarcador de las malformaciones, es el de columna vertebral, con base a su temprana identificación y a su diversidad de formas de expresión, las cuales se pueden relacionar con los momentos de tratamiento y a su frecuencia de aparición entre otras. Además, es posible obtener resultados a corto tiempo, debido a su desarrollo embrionario de corta duración, el cual se realiza de manera externa y directamente en el ambiente acuático.

## EFFECTO DEL MOMENTO DE TRATAMIENTO EN EL DESARROLLO EMBRIONARIO EN LA INDUCCIÓN DE MALFORMACIONES EN COLUMNA VERTEBRAL EN PEZ CEBRA (*B. rerio*), PARA LA EVALUACIÓN DE CONTAMINANTES AMBIENTALES

<sup>1</sup>González Ledesma L, <sup>1</sup>Gaytán Oyarzún JC, <sup>2</sup>Olvera Quezada H y <sup>3</sup>Pérez Cruz E  
1Lab Genética, Centro Inv. Biol., UAEH, Carr. Pachuca-Tulancingo Km. 4.5 S/N, C.P42184, [jcgavtan@uaeh.reduaeh.mx](mailto:jcgavtan@uaeh.reduaeh.mx), 2Laboratorio Acuario, Fac Ciencias, UNAM, Ciudad Universitaria s/n Coayacán, México Tel.

Los contaminantes ambientales, cuya concentración se incrementa debido a la actividad antropogénica, pueden interactuar con los organismos manifestando efectos mutagénicos, carcinogénicos, teratogénicos o combinaciones de ellos. Por otra parte, la evaluación de la calidad ambiental requiere del análisis químico complementado con el estudio de efectos biológicos. Una de las metas de la genética toxicológica es contar con organismos indicadores que den mejores y más confiables datos acerca de los efectos biológicos de agentes xenobióticos del ambiente. La calidad de éstos depende de las ventajas e información que proporcionen, por lo que un buen bioindicador debe ser fácil de evaluar, sensible a agentes xenobióticos, económico, y adecuado para evaluar más de un tipo de ambiente de manera simultánea. Con base a lo anterior y para continuar con la calibración del pez cebra (*Brachidanium rerio*) como bioindicador de la calidad ambiental, en el presente trabajo se examina la influencia del momento en que se administre el contaminante, en la inducción de malformaciones en columna vertebral de dicha especie. Para ello los organismos fueron tratados con dos teratógenos de referencia, trióxido de cromo (CrO<sub>3</sub>) y cloruro de mercurio (ClHg<sub>2</sub>) administrados a dosis subtóxicas. Se evaluaron dos momentos dentro del desarrollo embrionario: antes y después de la segmentación y se clasificaron las diferentes malformaciones de columna vertebral de acuerdo al agente químico y al momento de tratamiento. Se encontraron malformaciones únicas o múltiples, así como horizontales y verticales que podrían correlacionarse con el momento de tratamiento y/o con el agente químico. Los resultados obtenidos hasta el momento permiten evidenciar una respuesta positiva en cuanto al daño teratogénico inducido por el cloruro de mercurio, mientras que el trióxido de cromo mostró no tener un efecto teratogénico al menos a las concentraciones probadas. En el caso del cloruro de mercurio además se observó que existía una respuesta positiva para la inducción de malformaciones a nivel de la columna vertebral en el momento de tratamiento durante el desarrollo embrionario.

## GENERACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE ANTICUERPOS DE GALLINA DE CADENA SENCILLA (SCFV) CONTRA ANTÍGENOS DE MEMBRANA DE *Helicobacter pylori* CEPAS J99 Y N2.

<sup>1</sup>Pedroza Roldán César<sup>1\*</sup>, Zavala Tapia Oscar<sup>1</sup> Álvarez Araujo Leny<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Laboratorio de Ingeniería Genética y Biotecnología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez.  
\*cpedroza46@hotmail.com

*H. pylori* es una de las principales causas de enfermedades gástricas alrededor del mundo, puede inducir úlceras y representa alto riesgo de cáncer gástrico. La mayoría de los sistemas de detección sólo son utilizados en países desarrollados. Las tecnologías de despliegue ha permitido la generación de Abs para un blanco con alta afinidad y especificidad. El objetivo de este trabajo es generar una biblioteca de Abs de cadena sencilla contra *H. pylori*. Para esto se inmunizó a un par de gallinas con *H. pylori*. La gallina con títulos más altos fue utilizada para extraer el ARN del bazo y realizar síntesis de cDNA. Se amplificaron las cadenas ligeras (VL) y pesadas (VH) del Ab, se unió la VL y VH por PCR para generar el ScFv; este fue transformado y las células infectadas con el fago VCM13 para realizar 4 rondas de selección vs el antígeno. Fagos de 4ta ronda fueron utilizados para generar el Abm. Se seleccionaron clones para patrones de restricción, pruebas de sensibilidad y especificidad. Se extrajo el RNA de la gallina 2. Un par de bandas de 350 pb y 400 pb de VL y VH fueron amplificadas y utilizadas para el ScFv de 800pb. Después de 4 rondas se encontró un aumento de especificidad contra la cepa N2 viva, mas no contra N2 y J99 fijada. 188 clones fueron expresadas (92 para N2 y 92 para J99). Para J99 el 3% reconoce al antígeno fijado, 12% al antígeno no fijado; para N2 el 7% reconoce al antígeno fijado y el 22% al antígeno no fijado. 4 clones presentaron patrones de restricción diferentes (6HJ99, 11DJ99, 10EJ99 y E1N2). Se encontró alta afinidad y especificidad del Abm E1N2 generado. Western blots revelaron que los Abs se agregan en el periplasma durante la expresión con peso de 46 kDa, en sobrenadante presentó un peso de 26 kDa. El Abm E1N2 reconocen una proteína de 25 kDa de *H. pylori*. 4 clones fueron secuenciadas presentado similitud del 90% con la línea germinal de la gallina. La fijación de *H. pylori* con glutaraldehído presento poco reconocimiento por los Abs. La clona E1N2 presento las mejores características.

## FRECUENCIA DE POLIMORFISMOS CYP1A1\*2 Y CYP1A1\*4, EN LA POBLACIÓN MEXICANA.

Villalón Amanda, Castro H Clementina, Rubio Julieta  
Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM, juruli@servidor.unam.mx

Los citocromos P450 (CYP) son una superfamilia de enzimas del metabolismo primario, que convierten moléculas hidrofóbicas a hidrofílicas para eliminarlas con mayor facilidad. El CYP 1A1 es la especie de CYP que interviene principalmente en el metabolismo extrahepático de hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAP). Los HAP frecuentemente son productos de la combustión de cigarrillos, carne, gasolinas y otros materiales, contribuyendo de manera importante a la contaminación ambiental. Dada su variabilidad en actividad e inducción, y su papel en la activación de cancerígenos, los polimorfismos de CYP1A1 pueden considerarse marcadores de susceptibilidad a contaminantes ambientales y al riesgo a padecer enfermedades en las que la exposición a estos xenobióticos es un factor preponderante. Se han reportado polimorfismos de CYP1A1 y su correlación con cáncer: CYP 1A1\*2 en fumadores japoneses ha correlacionado positivamente con cánceres de pulmón escamoso, de útero y de garganta; CYP1A1\*4 se ha encontrado en afro-americanos y ha sido correlacionado con cáncer de pulmón escamoso. Sin embargo, no siempre se ha podido encontrar una correlación entre la susceptibilidad a cáncer y la distribución de estos polimorfismos, lo cual podría deberse a la baja frecuencia de estos polimorfismos en algunas de las poblaciones, al tamaño de muestra y/o a la interacción de CYP1A1 con otros genes y polimorfismos. A la fecha no hay reportes de la frecuencia de estos polimorfismos en la población mexicana. Proponemos que dado a su mezcla genética, la población mexicana presenta una frecuencia característica de los polimorfismos CYP 1A1\*2 y CYP1A1\*4. Para la identificación de estos polimorfismos se amplifica por PCR la región del gen *cyp1A1* en donde se presentan, y como en los dos casos se generan sitios para *Msp1*, se utiliza esta enzima para digerir, y a partir de los fragmentos obtenidos se determinan los polimorfismos. Este es el primer estudio de CYP1A1\*2 Y CYP1A1\*4 en población mexicana. Con las 160 muestras analizadas hemos encontrado una frecuencia alélica para CYP 1A1\*2 de 52% y de 0.93% para CYP1A1\*4. Para CYP1A1\*2, ésta es la frecuencia alélica más alta reportada en población abierta.

## FRECUENCIA DE MICRONÚCLEOS EN RATAS DESNUTRIDAS TRATADAS CON FÁRMACOS

Medina Ruiz Hilda, Rodríguez Leonor, Cortés Edith, Ortiz Rocío.

Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo, Departamento de Ciencias de la Salud. UAM-Iztapalapa. arom@xanum.uam.mx  
La desnutrición se presenta como consecuencia de una deficiente ingestión o utilización de dietas con bajo contenido de proteínas, o una combinación de estas dos causas; frecuentemente esta asociada a enfermedades infecciosas. En el tratamiento de las enfermedades infecciosas que se presentan en los niños desnutridos se recurre frecuentemente a la administración de antibióticos como trimetoprim-sulfametoxazol (TMP-SMX); de estos fármacos, existen reportes controversiales del daño cromosómico que pueden causar. Otro fármaco que generalmente se utiliza en el tratamiento de infecciones es el paracetamol (PC), este es empleado para evitar efectos secundarios de las infecciones y se ha demostrado que tiene efecto clastogénico. Por lo que es importante determinar la susceptibilidad de los organismos desnutridos a sufrir daño cromosómico por TMP-SMX y PC. Dentro de los estudios citogenéticos que se han utilizado para evaluar los efectos de la desnutrición se encuentran la frecuencia de micronúcleos (MN), actualmente las células utilizadas para realizar el ensayo de MN son los eritrocitos ya que facilitan la visualización del MN debido a que carecen de núcleo. Mediante el análisis con citometría de flujo se determinó el porcentaje de reticulocitos (RET) y la frecuencia de reticulocitos micronucleados (MN-RET) en ratas bien nutridas (BN) y desnutridas (DN). Ratas DN y BN de 21 días de edad, fueron tratadas con TMP-SMX (80-160 mg/Kg) durante 48 h y con PC (200mg/Kg) por 24 h. Después del tratamiento se extrajo sangre y se procesó para ser analizada en el citómetro de flujo. Se obtuvieron los siguientes datos:

Ratas	S/tratamiento		PC		TMP-SMX	
	%RET	%MN-RET	%RET	% MN-RET	%RET	%MN-RET
BN	17.92	0.33	20.31	0.47	20.08	0.81
DN	20.15	0.57	20.73	0.83	27.16	1.33

No se observa diferencia en el porcentaje de RET entre los tres grupos, sin embargo en el porcentaje de MN-RET existe una tendencia de las ratas desnutridas (DN) de cada tratamiento a aumentar el porcentaje de MN-RET comparadas con las ratas bien nutridas (BN) del tratamiento correspondiente. Además se observa incremento en el porcentaje de MN-RET de las ratas BN y DN tratadas con los fármacos (PC y TMP-SMX) con respecto a las ratas BN y DN no tratadas.

Apoyo Posgrado Biología Experimental PIFOP-CONACyT, C/PFPN-2002-35-32

## **EFFECTO DEL CRUZAMIENTO GENÉTICO DE DOS LÍNEAS COMERCIALES EN LOS PARÁMETROS PRODUCTIVOS DEL POLLO DE ENGORDA.**

López BB, Pastrana LEK y Ortiz MA

Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, UNAM. Apartado Postal 25, Cuautitlán Izcalli, Edo. de México, CP 54700.

E-mail: enitolb@servidor.unam.mx

En el presente trabajo se evalúa el efecto del cruzamiento, de las líneas Arbor Acres y Ross sobre parámetros de producción como: ganancia diaria de peso (GDP), conversión, peso final, porcentaje de mortalidad e índice de productividad. Se utilizó la información de 412 parvadas con un total de 6,079,338 aves de engorda, finalizadas en los años 1999 a 2001, por una empresa comercial en la zona del Bajío, de las estirpes genéticas Arbor Acres (AA), Ross (R), y sus cruza. El análisis estadístico fue bajo un modelo lineal totalmente aleatorizado donde las líneas AA, R, AA/R, y R/AA: fueron los tratamientos y como covariables: peso al primer día de edad, días en engorda y densidad del pollo por metro cuadrado. La variable (GDP) diaria de los grupos genéticos AA, R y AA/R tuvo el mismo comportamiento con medias de: 45.791, 45.159 y 46.262 respectivamente, no así la del grupo R/AA que fue significativamente inferior ( $p < 0.05$ ) con media de 42.55 gramos. La variable conversión en los grupos genéticos AA, AA/R y R/AA, tuvo el mismo comportamiento pero el grupo R mostró menor conversión alimenticia al obtenerse una media significativamente mayor. El peso final de los grupos genéticos AA, R y AA/R, tuvo también el mismo comportamiento con mientras que el del grupo genético R/AA muestra, al igual que la variable GDP, menor peso. Las variables de índice de productividad y porcentaje de mortalidad reflejan el mismo comportamiento productivo, con medias 214.991 y 198.347 para índice de productividad en los grupos genéticos: AA y AA/R mientras que los grupos genéticos R y R/AA tuvieron un comportamiento inferior con medias de 167.462 y 170.911. El grupo genético AA y AA/R denotan una menor mortalidad con valores de 7.521 y 8.788 mientras que los grupos genéticos R y R/AA alcanzaron porcentajes de 1.610 y 11.360 respectivamente. Se concluye que no hay ventajas de producción en las variables estudiadas para cruce y retrocruza entre las dos líneas Se observó un efecto paterno negativo en el cruzamiento Ross/Arbor Acres para todas las variables estudiadas a excepción de conversión.

## **DETERMINACIÓN DE LA CINÉTICA DE INDUCCIÓN DE MICRONÚCLEOS EN ERITROCITOS POLICROMÁTICOS DE SANGRE PERIFÉRICA DE RATÓN PRODUCIDOS POR 6-TIOGUANINA**

Morales Ramírez PR, Vallarino Kelly T, Jiménez Arévalo FR

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, Depto. de Biología, pmr@nuclear.inin.mx

Mediante la determinación de la cinética de formación de MN (micronúcleos), en eritrocitos policromáticos in vivo, ha sido posible inferir algunos parámetros farmacocinéticos. El objetivo del presente trabajo es establecer la cinética de inducción de reticulocitos micronucleados por el tratamiento con 6-tioguanina (6-TG) in vivo. Para lo cual se administraron dosis de 20 y a 40 mg/Kg de peso a grupos de 5 ratones por dosis. Se tomaron muestras de sangre de la cola antes del tratamiento y en períodos de 8h postratamiento. La gota de sangre se colocó en una laminilla sobre una gota de suero y se hizo un frotis que se tiñó con May-Greenwald. Se realizan dos conteos, del número de EPC en 2000 eritrocitos, y el número de MN en 2000 EPC. Se observó que con la dosis de 20 mg/Kg se obtiene un máximo de MN a las 48 horas, en contraste con la dosis de 40 mg/Kg con un máximo de MN alrededor de las 41 horas. Respecto a la toxicidad se observó que la dosis de 20 y 40 mg/Kg causa un mínimo de EPC alrededor de las 80 horas. Los datos indican que la 6-TG produce MN por un mecanismo indirecto ya que requiere tres ciclos de división para expresarse, esto sugiere que el mecanismo de inducción de MN por este agente es a través de la inducción de errores de apareamiento de bases.



## **POLIMORFISMOS E EL LOCUS WRN QUE AFECTAN LA EXPRESION DE PAI-1**

Castro Rodríguez EM, Oviedo Rodríguez V

Centro Universitario de Investigaciones Biomédicas de la Universidad de Colima, Colima Mexico. [ecastro@cgic.ucol.mx](mailto:ecastro@cgic.ucol.mx)

Las mutaciones nulas en el gen de WRN, un miembro de la familia de las helicasas RecQ, son causa del síndrome de Werner (SW). La patología vascular (aterosclerosis, arteriosclerosis, calcinosis medial y calcificación de las válvulas del corazón) es el principal componente de este síndrome. La causa más común de muerte en los pacientes de SW es el infarto al miocardio. Entre varios polimorfismos conocidos de WRN, existen dos variantes bialélicas (1367 Cys/Arg y 1074 Leu/Phe) que han sido asociadas con susceptibilidad a infarto al miocardio y longevidad. El inhibidor de los activadores del plasminógeno tipo 1 (PAI-1) es sobreexpresado durante la senescencia replicativa, un proceso que es grandemente acelerado en SW. Tal sobreexpresión puede incrementar el riesgo de infarto al miocardio vía una elevación del riesgo de trombosis arteriocoronaria que estaría modulando también la tasa de aterogénesis. El objetivo de este trabajo, fue observar si estas variantes polimórficas afectan diferencialmente la expresión de PAI-1. Un arreglo de cultivos primarios de fibroblastos obtenidos de donadores adultos normales fueron genotipificados para ambas variantes de WRN y para el gen PAI-1 mediante RFLP y SSCP respectivamente, los niveles de expresión de PAI-1 fueron medidos mediante RT-PCR semicuantitativo, Esta metodología nos permitió probar la hipótesis de que los alelos 1367 Arg y 1074 Leu del gen WRN, están asociados a bajos niveles de expresión de PAI-1. No se conoce el mecanismo por el cual WRN puede modificar la expresión de PAI-1, sin embargo nos muestra como WRN puede estar involucrado en enfermedades más comunes que el SW, como es la aterosclerosis.

## **DIAGNÓSTICO CLÍNICO, CITOGENÉTICO Y MOLECULAR DEL SÍNDROME DE X-FRÁGIL EN UNA FAMILIA MEXIQUENSE.**

Ortiz Solalinde CE, Rosas Espinosa E,<sup>+</sup> Becerril Morelos E.

Facultad de Medicina, Laboratorio de Genética Humana, Universidad Autónoma del Estado de México.

**ANTECEDENTES.** El síndrome de X frágil es una causa común de retraso mental hereditaria ligada al cromosoma X originada por la expansión masiva del triplete de CGG caracterizándose por retraso mental de leve a severo, fascies alargada, pabellones auriculares largos y prominentes, prognatismo, macroorquidismo, conducta tipo autista y estereotipias. **OBJETIVO.** Se hizo el diagnóstico y caracterización de los aspectos clínicos, citogenéticos y moleculares de una familia mexiquense para la determinación de afectados con la mutación completa, portadores de la premutación y sanos con el objeto de brindar asesoramiento genético a la familia. **METODOLOGÍA.** Se identificaron los miembros de una familia con SXF a través de un caso propósito referido por la Escuela de Educación Especial de Toluca Estado de México, a quienes se realizaron pruebas citogenéticas y moleculares para la identificación del marcador citogenético (FRAXA) en Xq 27.3; posteriormente se elaboró el pedigree y la identificación de portadores de la premutación y mutación completa mediante pruebas de Southern blot y PCR. **RESULTADOS.** Fueron encontrados seis afectados con la mutación completa (dos de ellos por medio de datos clínicos, dos a través del pedigree y dos a través de pruebas moleculares), una portadora de la premutación y dos portadoras obligadas de la premutación. **CONCLUSIONES.** El estudio clínico del caso índice reveló el fenotipo clásico del síndrome de X-frágil, en tanto el análisis genealógico de la familia demostró un tipo de herencia dominante ligada al X con patrón inestable de repetidos de trinucleótidos lo cual corresponde con la paradoja de Sherman. El uso de los inductores de sitios frágiles fue eficaz en la exposición del sitio frágil en Xq27.3 así como las pruebas moleculares en la detección de individuos normales y portadores. **Sugerencias:** Debido a que el SXF es la causa más frecuente de retraso mental hereditario, desde el punto de vista preventivo es conveniente realizar estudios clínicos, citogenéticos y moleculares a las familias afectadas y en riesgo para ofrecerles el asesoramiento genético apropiado ya que es una forma de prevenir la transmisión de la enfermedad.

## ESTIMACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Cephalocereus columna-trajani* EN CUATRO REGIONES CON DIFERENTES RANGOS DE TEMPERATURA EN EL VALLE DE TEHUACAN CUICATLÁN. PUEBLA.

Vázquez Montiel Ricardo E, Martínez García M, Téllez O, Campos Contreras JE  
Laboratorios de Bioquímica Molecular y Recursos Naturales. Unidad de Biotecnología y Prototipos, UNAM  
richard\_cat\_@hotmail.com, jcampos@servidorunam.unam.mx

**INTRODUCCIÓN.** La cactácea columnar *Cephalocereus columna-trajani* puede medir 10m de alto, su ápice se inclina ligeramente y es endémica al Valle de Tehuacán-Cuicatlán. En esta reserva, se estudió la variación regional de los cambios de temperatura entre la parte sudeste de Puebla y al noreste de Oaxaca, pronosticando un incremento de 2°C dentro de 50 años, lo que ocasionaría que especies endémicas (principalmente Cactáceas) desaparezcan por no poder adaptarse a estos cambios (Kart, 1998), y (O. Téllez, 2003). Los estudios de marcadores moleculares permiten interpretar la estructura genética de las poblaciones y observar variaciones no evaluadas por otros métodos, que pueden favorecer la adaptación. **OBJETIVO** Determinar los parámetros de la variación genética en las poblaciones de *Cephalocereus columna-trajani* en Tehuacán, Puebla y relacionar los parámetros de diversidad genética con los patrones climatológicos. **METODOLOGÍA.** Se analizaron poblaciones de esta especie que se localizan en cuatro diferentes rangos climáticos, se hizo la extracción del DNA genómico por el método de Dellporta y utilizando la amplificación aleatoria del ADN polimórfico (RAPD) se obtuvieron los diferentes polimorfismos para su análisis estadístico. **RESULTADOS Y DISCUSIÓN.** En 102 individuos pertenecientes a 5 poblaciones en las cuatro regiones con diferente rango climático se observaron diferencias en el patrón de bandeo de los individuos. Mediante la técnica RAPD y usando 9 primers se obtuvieron 132 bandas polimórficas; a partir de las cuales se hizo el análisis estadístico, el índice de Jaccard y se visualizó un dendrograma con el método de UPGMA, agrupándose los individuos por sitio de colecta. El AMOVA realizado indica que el 31.53% de la variación está dentro de las poblaciones y el 68.47% está entre las poblaciones, con una  $\Phi_{ST}$  de 0.28 el cual cae dentro de los rangos de las plantas con fertilización cruzada. Usando el índice de Shannon por cada primer se obtuvo un buen nivel de variabilidad genética entre las poblaciones con un  $G^*_{st} = 0.288$ . **Conclusiones.** Un cambio climático disminuirá drásticamente la diversidad genética de esta especie. Las poblaciones se encuentran estructuradas genéticamente y no presentan diferencias en su diversidad genética con respecto al rango climático.

## ESTIMACIÓN DE HEREDABILIDAD Y EFECTO DE AMBIENTE PERMANENTE PARA PESO DE LA CAMADA A LOS 75 DÍAS EN OVINOS PELIBUEY.

Campos Montes G, Sánchez González G, López Ordaz R, Castro Gámez H  
Departamento de Genética y Bioestadística. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. UNAM.

El peso de la camada al destete es un importante componente de productividad en ovejas Pelibuey, debida a su importancia económica en la unidad de producción, además de estar relacionado con parámetros reproductivos y de crecimiento del cordero. Para el diseño óptimo de un programa de mejoramiento genético se requiere conocer los parámetros genéticos de la característica. El peso de la camada se obtuvo sumando los pesos a los 75 días, ajustado por sexo de los corderos (PCD75), sólo considerando las camadas sin mortalidad. Se utilizaron 3379 registros de PCD75 de 1079 hembras, del periodo de enero de 1985 a mayo de 2003, de un rancho comercial ubicado en Chalma, Edo. De México. Los parámetros de heredabilidad ( $h^2$ ) y efecto ambiental permanente ( $C^2$ ) se estimaron con un modelo animal que incluyo como efectos fijos: tamaño de la camada, año-época de parto y número de parto como covariable lineal y cuadrática, usando DFRML con un criterio de convergencia de  $1 \times 10^{-8}$ . La  $h^2$  fue de  $0.10 \pm 0.027$  EE y la  $C^2$  de  $0.04 \pm 0.025$  EE. Estos parámetros son similares a los obtenidos por Matika y col en 2003 ( $h^2 = 0.12 \pm 0.02$  EE y  $C^2 = 0.03 \pm 0.02$  EE) en borregos Sabi y se encuentran en el rangos calculados por Bromley y col en 2001 ( $h^2$  de 0.06 a 0.17 y  $C^2$  de 0.0 a 0.1) y por Okut y col en 1999 ( $h^2$  de 0.00 a 0.25 y  $C^2$  de 0.0 a 0.03) estimados en diferentes razas. Los resultados obtenidos en esta población muestran poca variabilidad genética aditiva para PCD75 y un efecto de ambiente permanente de importancia mínima, lo que indicada que el PCD75, no es el criterio mas adecuado para la selección de hembras.

## PREDICCIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA TAMAÑO DE LA CAMADA EN OVINOS PELIBUEY

Sánchez González G, López Ordaz R, Campos Montes G, Castro Gámez H.  
Departamento de Genética y Bioestadística. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. UNAM.

El tamaño de la camada al nacimiento (TCN) es un importante componente de productividad y eficiencia económica en ovinos Pelibuey, contribuyendo más a la diferencia en el peso total de la camada al destete por oveja que a la tasa de crecimiento individual del cordero. La estimación de los efectos ambientales y la predicción de los componentes de varianza y los parámetros genéticos se requieren para diseñar un programa de mejoramiento genético. El estudio se realizó en una unidad de producción de ovinos Pelibuey en Chalma, Edo. de México, utilizando información del periodo de 1986 a 2003 para el TCN de 4431 registros de producción de 1259 ovejas. La determinación de efectos fijos fue mediante el paquete computacional SAS a través un modelo lineal generalizado (GLM) que incluyó el número de parto (Np), año de parto (Ap) y la época de parto (Ep) (Ep 1: Enero-Marzo, Ep 2: Abril-Junio, Ep 3: Julio-Septiembre y Ep 4: Octubre-Diciembre) y las interacciones, incluyendo en el modelo final los efectos de Np y la interacción Ap\*Ep ( $P < 0.0001$ ). La predicción de los componentes de varianzas y parámetros genéticos para el TCN fueron obtenidos mediante la metodología REML con un modelo animal que incluyó los efectos fijos de Np, Ap\*Ep, y como efectos aleatorios, el directo del animal y el de ambiente permanente, las varianzas estimadas fueron de 0.031 y de 0.013 respectivamente. La heredabilidad ( $h^2 \pm e.e.$ ) para esta característica en la raza Pelibuey fue de  $0.088 \pm 0.0193$  con una repetibilidad ( $Re$ ) de 0.125, los valores encontrados en este estudio coinciden con los estimados por María ( $h^2 = 0.07$ ,  $Re = 0.12$ ) en ovino Romanov en 1995 o Kominaki y col. en 1998 ( $h^2 = 0.09 \pm 0.01$ ,  $Re = 0.11 \pm 0.02$ ) en ovinos Boutsico. Okut y col. (1999) en diferentes razas obtuvo un rango de valores de  $h^2$  entre 0.1 a 0.17, mientras Hanford y col. (2002) en ovinos Columbia estimó la  $h^2$  de  $0.09 \pm 0.01$ . Los resultados obtenidos muestran variabilidad genética aditiva baja por ello los cambios genéticos esperados al considerarse el TCN como un criterio de selección de hembras será gradualmente bajo.

## EVIDENCIA DE LA ACCIÓN PROMOTORA DEL DAÑO GENÉTICO DE LAS DOSIS BAJAS DE CLOROFILINA EN CÉLULAS SOMÁTICAS DEL ALA DE *Drosophila melanogaster*.

Pimentel AE y Cruces MP

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, Departamento de Biología. [aapp@nuclear.inin.mx](mailto:aapp@nuclear.inin.mx)

En los últimos años las investigaciones realizadas con clorofilina, han confirmado que este compuesto puede inhibir o potenciar el daño inducido por diferentes agentes. En nuestro laboratorio hemos observado los dos efectos en células somáticas utilizando mutágenos directos como radiación ionizante, etil-nitroso-urea (ENU) y  $CrO_3$ . Mediante un protocolo diseñado para determinar la persistencia del efecto protector de la CHLN, se encontró que el pretratamiento con 5% de CHLN, redujo el daño genético de manera significativa en los individuos que recibieron el tratamiento con el mutágeno 0 ó 24 h después de haber concluido el pretratamiento. En cambio en los individuos tratados 48 y 72 h después lo incrementó. Se obtuvieron resultados similares con la 1,2-dimetilhidrazina un agente indirecto. Se sugirió que este doble efecto de la CHLN podría estar relacionado con la concentración de la molécula o sus metabolitos en las células blanco en el momento de la exposición al mutágeno. Para comprobar esta hipótesis, se pretrataron grupos de larvas de 48 h descendientes de la cruce entre individuos *mwh/mwh* con *flr<sup>3</sup>/TM3, Ser* con 4 concentraciones de CHLN: 0, 5, 1.25 y 0.62 %. Las alas de los individuos *mwh +/+ flr<sup>3</sup>* se montaron en preparaciones fijas para examinar el número de mutaciones inducidas. Se observó que la concentración de 1.2 % de CHLN promovió significativamente el daño al ADN ( $p = 0.001$ ) en todos los tiempos de retraso del tratamiento. Se encontraron resultados similares con la concentración de 0.62 % pero el incremento de mutación sólo fue significativo en el último tiempo de tratamiento. Con estas observaciones queda evidencia de que las concentraciones menores al 5 % pueden actuar como promotoras del daño genético inducido, por lo que es importante profundizar acerca de la acción de la CHLN con diversos protocolos y sistemas, antes de proponerla como un agente químico-preventivo.

## EFFECTO DE LA CLOROFILINA EN LA REDUCCIÓN O PROMOCIÓN DE DAÑO GENÉTICO INDUCIDO POR LA ETIL-NITROSO-UREA (ENU) EN CÉLULAS GERMINALES DE *Drosophila melanogaster*

Pimentel A Emilio, [Moreno Itandewi](#) y Cruces M Patricia.

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, Departamento de Biología. [aepp@nuclear.inin.mx](mailto:aepp@nuclear.inin.mx)

La clorofilina (CHLN) es una porfirina de grado alimenticio soluble en agua, derivada de la clorofila que incluye en su estructura un átomo de cobre. Este pigmento puede actuar como antimutágeno, reduciendo o inhibiendo el daño al ADN provocado por agentes físicos y químicos de acción directa o indirecta. También se ha demostrado que es un eficaz anticarcinógeno, cuando se administra durante la fase de iniciación del cáncer. Estos resultados han sido obtenidos utilizando diversos modelos experimentales, como bacterias, *Drosophila*, trucha arco iris y mamíferos, la mayoría de estos utilizando células somáticas debido a que no todos los sistemas de prueba permiten realizar estudios con células germinales. Por lo anterior y dado que con el sistema de *Drosophila* si se pueden hacer estudios en la línea germinal; este trabajo tiene como objetivo evaluar el papel antimutagénico de la CHLN ante el daño inducido por la etil-nitroso-urea (ENU) en espermatozoides, células meióticas y espermatogonias de *Drosophila melanogaster*. Para tal propósito se utilizó la técnica de letales recesivos ligados al sexo (LRLS) mediante un proceso de camadas. Se pretrataron machos de la cepa Canton-S por 24 h con CHLN o Sacarosa al 5% y transcurrido este tiempo, se trataron crónicamente con 7.5 mM de ENU ó Sacarosa durante 24h. Posteriormente cada macho se cruzó con tres hembras vírgenes del genotipo *Basc*: Cada dos días el macho se transfirió a otro tubo con tres nuevas hembras; este proceso se hizo dos veces. La descendencia resultante de este primer apareamiento se cruzó entre sí para de su descendencia contar los letales inducidos. Los resultados obtenidos indicaron que la CHLN incrementó la frecuencia basal de letales en todos los tipos celulares ( $p \leq 0.001$ ). En contraste, sólo redujo el daño genético inducido por ENU en las células espermáticas. La ausencia de protección de la CHLN en las células premeióticas y meióticas quizá se deba a que su acción inhibitoria esta asociada con los mecanismos de reparación.

## SESIÓN III. PRESENTACIONES ORALES

### INDUCCIÓN DE ICH POR EL AGENTE DESMETILANTE 5-AZACITIDINA.

[Rodríguez Reyes R](#), Toribio Escobedo E, Olvera Nestor C, García González C, Morales Ramírez P.

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. [rrr@nuclear.inin.mx](mailto:rrr@nuclear.inin.mx)

Se sabe que el intercambio en las cromátidas hermanas (ICH) es la expresión de la reparación por recombinación homóloga (RH), aunque no se conoce completamente su significado biológico. El ICH es causado por lesiones al ADN, alteraciones enzimáticas de la duplicación, o por desmetilación del ADN (d-ADN). La d-ADN es una modificación epigenética relacionada con actividad transcripcional del genoma y con la diferenciación celular, respuesta inmune y el cáncer. Análogos de la citosina como la 5-azacitidina (5-AZA), producen d-ADN y también incrementan la frecuencia de ICH. Aunque no se ha establecido el vínculo entre la d-ADN y la RH, el estudio de la relación de la d-ADN y el ICH podría contribuir al conocimiento del significado biológico de este último fenómeno. Se presentan resultados de un estudio *in vivo* del efecto de la 5-AZA sobre la inducción de ICH en células de la médula ósea de ratón. Se hicieron cuatro experimentos: 1) Dosis respuesta; 2) Efecto de la exposición crónica 3) Persistencia de la inducción de ICH en varios ciclos celulares (CC) y 4) Efecto del tiempo de cosecha. A ratones machos Balb C se les administró bromodesoxiuridina adsorbida a carbón activado y 5-AZA a dosis de 5, 10, 15 o 20 mg/Kg de peso. Se observó que la frecuencia de ICH: i) aumentó de manera proporcional y estadísticamente significativa a dosis bajas ii) no aumentó más a dosis altas agudas ni por exposición crónica; iii) persistió hasta por cuatro CC y iv) no mostró diferencia en células cosechadas a diferentes tiempos. Además, dosis altas agudas y exposición crónica redujeron el índice mitótico y aumentaron el tiempo de generación promedio. Se concluye que: a) la desmetilación causada por 5-AZA está relacionada con la producción de ICH; b) sólo algunos eventos de desmetilación están comprometidos con el ICH, c) la inducción de ICH por 5-AZA sucede mediante una modificación epigenética, heredable hasta cuatro CC c) la citotoxicidad de la 5-AZA impide determinar si hay una relación proporcional entre las desmetilaciones y los ICHs y d) las poblaciones celulares con CC diferentes tienen la misma respuesta a la exposición a la 5-AZA.

## EVALUACIÓN GENOTÓXICA DE b-EXOTOXINAS DE *Bacillus thuringiensis* UTILIZANDO ENSAYOS *in vitro*.

Ortega J<sup>1</sup>, Fuentes JL<sup>2</sup>, Santiago AA<sup>2</sup>, Almeida EL<sup>2</sup>, Álvarez D<sup>2</sup>, Casares L<sup>3</sup>, Ferrer M<sup>3</sup>, Llagostera M<sup>3</sup>, Cáseres I<sup>4</sup>, Fernández Larrea O<sup>4</sup> y Sánchez Lamar A<sup>5</sup>.

<sup>1</sup>Centro Nacional de Toxicología (CENATOX). AP 14020, Ave 31 y 114, Marianao, C. Habana, Cuba. <sup>2</sup>Centro de Aplicaciones Tecnológicas y Desarrollo Nuclear (CEADEN). A.P. 6122, 30# 502, e/ 5ta y 7ma, Playa, C. Habana, Cuba. <sup>3</sup>Universitat Autònoma de Barcelona. Dpto. de Genética i de Microbiologia, Edifici Cn, 08193. Bellaterra, Barcelona, España. <sup>4</sup>Instituto Nacional de Sanidad Vegetal. 110# 514e/ 5ta B y 5ta F, Playa, C Habana, Cuba, <sup>5</sup>Facultad de Biología, Universidad de la Habana, 25 y J, Vedado, C. Habana, Cuba. E-mail: fuentes@ceaden.edu.cu

El uso bioplaguicidas para el control biológico de plagas de importancia agrícola es una práctica extendida en Cuba. Aunque la creencia generalizada es que los bioplaguicidas son inocuos, la utilización de formulaciones desarrolladas a partir de cepas de *Bacillus thuringiensis* productoras de  $\beta$ -exotoxinas, la cual es un derivado nucleotídico de la adenina, constituye un riesgo potencial para el medio ambiente y la salud humana en general. Es por ello, que el estudio de la genotoxicidad de estos bioplaguicidas es un requisito indispensable para su registro, comercialización y utilización. En el presente estudio nos propusimos evaluar la genotoxicidad de extractos crudos derivados de cepas promisorias de *Bacillus thuringiensis* (LBt5, LBt13, LBt19 y LBt25), utilizando los ensayos de retromutación en *Salmonella typhimurium* (cepas TA1535, TA1537, TA98, TA100 y TA102) y la variante fluorescente del ensayo SOS Chromotest en *Escherichia coli*, tanto en presencia como en ausencia de activación metabólica. Los resultados obtenidos al evaluar los extractos crudos de las cepas LBt5 y LBt19 usando ambos ensayos mostraron ausencia de genotoxicidad tanto en presencia con ausencia de activación metabólica. Por el contrario, los extractos crudos de las cepas LBt13 y LBt25 indujeron ligero efecto mutagénico en el ensayo de reversión génica y claro efecto genotóxico en el ensayo SOS Chromotest. Con el objetivo de comprobar si concentraciones superiores a las presentes en los crudos o formas terminadas diferentes de estos extractos son mutagénicas, los mismos fueron liofilizados y nuevamente evaluados en el ensayo de retromutación. Estos resultados indicaron mutagenicidad positiva en los extractos de las cepas LBt13 y LBt25, tanto a concentraciones superiores como equivalentes a la de los extractos crudos, con los cuales previamente se obtuvieron resultados dudosos. Adicionalmente, se corroboró la inocuidad de los extractos de las cepas LBt5 y LBt19, aún a concentraciones superiores a las presentes en los crudos. Los resultados son discutidos considerando el posible uso de estos bioplaguicidas en el Programa Cubano de Lucha Biológica y con relación a la utilidad de los ensayos para fines de registro.

## DIALELICO DE GRIFING PARA CARACTERÍSTICAS AGRONOMICAS EN LÍNEAS DE MAÍZ QPM PARA FORRAJE

De la Cruz LE<sup>1</sup>, Rodríguez Herrera SA<sup>2</sup>, Córdova Orellana H<sup>1</sup>, Estrada Botello MA<sup>1</sup>, Mendoza Palacios JD y Brito Manzano NP<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>División Académica de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (DACA-UJAT). [efrain.delacruz@daca.ujat.mx](mailto:efrain.delacruz@daca.ujat.mx).  
<sup>2</sup>Departamento de Fitomejoramiento de la UAAAN, Buenavista, Saltillo, Coahuila. <sup>3</sup>Programa de maíz tropical, Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), apartado postal 6-641, México DF

El mejoramiento es un proceso continuo y constante en la formación de híbridos y variedades de maíz (*Zea mays* L.) para uso comercial. El conocimiento del tipo de acción génica que controla los caracteres agronómicos y químicos es básico para la planeación de un programa de mejoramiento genético de calidad forrajera. El objetivo de la presente investigación fue estimar los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y la aptitud combinatoria específica (ACE) de ocho líneas de maíz QPM y sus 28 cruza simples. El trabajo de investigación realizó durante el 2000 y 2001 en terrenos del "Rancho Ampuero" en Torreón, Coahuila, México. El material genético utilizado lo constituyeron las 28 cruza directas, que se evaluaron en un diseño de bloques completos al azar con dos repeticiones en ambos años. Las características evaluadas fueron: altura de planta (AP), rendimiento de forraje verde (RFV), materia seca total (MST) y porcentaje de elotes (PE). Las cuales fueron analizados según el modelo IV de Griffing (1956). El ANVA detectó diferencias estadísticas entre cruza para todas las características evaluadas, lo que sugiere que estas son diferentes entre sí para las características evaluadas. Con base en la descomposición de las sumas de cuadrados de las cruza en ACE se encontraron diferencias significativas en todas las características, lo que sugiere que existen cruza específicas con los efectos de dominancia de algunas líneas que pueden ser utilizadas para formar híbridos con características agronómicas para forraje.

Cuadros medios del análisis dialélico de Griffing modelo IV (19556).

FV	GL	AP	RFV	PE	MST
Años	1	4.38**	575.41*	3234.67**	189.02*
Rep (Años)	2	0.01	16.98	86.02	3.99
Cruza	27	0.16**	329.61**	221.12**	84.44**
ACG	7	0.14	589.48	81.82	128.92
ACE	20	0.16**	242.85**	269.97**	68.74**
Años × Cruza	27	0.06**	16.67	169.06**	6.90
Error	54	0.02	10.47	22.07	2.46
C.V		7.9	7.0	15.9	8.0

\* (P<0.05) \*\* (P<0.01).

## **CARACTERISTICAS CLINICAS Y CITOGENETICAS DE PACIENTES CON LEUCEMIA AGUDA LINFOBLASTICA Y MULTIPLES COPIAS DEL GEN AML1.**

Pérez Vera P<sup>1</sup>, Montero O<sup>1</sup>, Valladares A<sup>2</sup>, Frías S<sup>1</sup>, Rivera Luna, R<sup>1</sup>, Paredes R<sup>1</sup>, Arenas, D<sup>2</sup> Carnevale A<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Instituto Nacional de Pediatría, <sup>2</sup>Hospital de Pediatría, CMN Siglo XXI. [pperezvera@yahoo.com](mailto:pperezvera@yahoo.com)

Recientemente se ha identificado la presencia de múltiples copias del gen AML1 (21q22.3) en pacientes con LAL. En la literatura en nuestro Instituto existen 63 casos provenientes de 18 Instituciones, El análisis citogenético de pacientes con LAL y la búsqueda con FISH de la fusión TEL/AML1, ha identificado 18 casos con copias extra de AML1 (CEAML1). En este trabajo se describen las características clínico-citogenéticas de estos pacientes y se comparan con lo descrito en la literatura. Se trata de 18 niños con LAL en los que la citogenética convencional reveló presencia de cromosomas 21q+, y la sonda TEL/AML1 para FISH demostró CEAML1 (> 2). Las muestras de médula ósea se analizaron por FISH: 1) Con la sonda de tinción completa del cromosoma 21 (WCP21) para confirmar material extra fuera del 21 y 2) con la sonda de la región 21q22.13-21q22.2 para identificar otras secuencias amplificadas del cromosoma 21. Siete pacientes se analizaron con CGH para confirmar la región amplificada. Se obtuvieron datos clínicos y de laboratorio del expediente clínico. La citogenética convencional mostró cariotipo normal en 7 pacientes, add(21q) en 9, r(21) en 1 y falla en 1. El FISH con la sonda TEL/AML1 mostró 3-8 copias de AML1 en los 18 pacientes, WCP21 reveló 21q+ en 12/13 pacientes estudiados. La sonda 21q22.13-21q22.2 mostró 3-9 copias en 14 casos analizados. El CGH identificó la amplificación en 5/7 pacientes. Los datos clínicos y de laboratorio revelaron que 11/18 pacientes eran >6 años, 13 tenían cuentas leucocitarias <25X10<sup>9</sup> y todos presentaron inmunofenotipo pre-B. Respecto a la evolución de la enfermedad, 8 pacientes presentaron recaídas o falla terapéutica, de éstos, 6 han fallecido. Los 63 casos descritos y los nuestros tienen características en común: Presentan LAL pre-B, la mayoría entre 7 y 19 años y cuentas leucocitarias <25X10<sup>9</sup>; la similitud entre los pacientes sugiere que este grupo representa un subtipo emergente de LAL pre -B y por el número de pacientes con recaídas y muerte, puede asociarse con mal pronóstico. Por la frecuencia de esta alteración y sus probables implicaciones clínicas, es necesario continuar con la detección y seguimiento de los pacientes que la portan.

## **LAS PLANTAS *Brassicas* DE CICLO CORTO COMO SISTEMA EXPERIMENTAL EN GENÉTICA.**

Márquez C.

Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Baja California Ensenada, BC, 22800, MÉXICO, e-mail: [cmarquez@uabc.mx](mailto:cmarquez@uabc.mx)

La planta *Brassica rapa* es pariente de las mostacillas, mide de 15 a 20 cm de altura, es de rápido desarrollo ya que las plántulas emergen a los dos días, la floración ocurre alrededor del día 14 posterior a la fertilización cruzada y el ciclo completo dura 36 días. Además puede reproducirse en densidades de 2,000 organismos/m<sup>2</sup>. Posee marcadores genéticos como el de color púrpura, el de ausencia o presencia de vellosidades y el del enanismo que en homocigosis (ros/ros) produce de 4 a 10 veces menos giberelina que las plantas silvestres. En este trabajo se presenta el modelo con un experimento en que se modifica la expresión del gen mutante ros mediante la aplicación externa de giberelina y se compara con plantas que contienen el gen silvestre ROS. Se cultivaron las líneas, mutante ros/ros y silvestre en cubos de germinación conteniendo suelo estéril, fertilizante y 3 semillas para garantizar que creciera al menos una planta. Se ubican en una charola con agua, que se colocará en una cámara ambiental con fotoperíodos de 16 h luz y 8 h de oscuridad. Una vez que emerjan y cuando se observen las primeras hojas verdaderas, se aplican de 0 a 6 gotas de giberelina a las hojas de cada plántula ros. A las silvestres se les aplica solamente agua. Se registra la altura total, distancia internodal y longitud de las hojas y se vacían estos datos en tablas y gráficas para efectuar comparaciones entre plantas experimentales ros, tratadas y sin tratamiento y silvestres que sólo recibieron agua. Entre los resultados destacan los siguientes: A partir del día 8, el crecimiento de las plantas ros/ros tratadas con 3 y 6 gotas es muy parecido al de las plantas silvestres, y conforme transcurre el experimento, hasta el día 30 en que deja de medirse, las que recibieron 6 gotas de giberelina son similares a las plantas silvestres, mientras que las ros/ros que no recibieron giberelina muestran altura de 5 a 7cm, distancia internodal menor a 0.5cm y presentan la forma de roseta, que le da el nombre al gen mutante.

## MICROENSAYOS PARA EVALUAR LA GENOTOXICIDAD DE LOS SEDIMENTOS DE LA LAGUNA EL YUCATECO, TAB.

Sobrino Figueroa A

Laboratorio de Ecotoxicología UAM-Iztapalapa. Av. Sn. Rafael Atlixco #186 Col. Vicentina C.P. 09340 México D.F. e-mail [coco@xanum.uam.mx](mailto:coco@xanum.uam.mx)

Los microensayos son técnicas que utilizan organismos procariontes o eucariontes sencillos, para evaluar el efecto de xenobióticos y tienen la ventaja de que se realizan rápidamente y a menor costo que los bioensayos clásicos. En este trabajo se examinó la posible presencia de compuestos genotóxicos en los sedimentos de la laguna El Yucateco, Tab., por medio de 2 microbioensayos. Se prepararon elutriados con las muestras de sedimentos, los cuales se utilizaron en el Chromotest. Esta prueba consiste en la evaluación de la respuesta de una cepa de *Escherichia coli* manipulada genéticamente. Se probaron 3 concentraciones de elutriados (100, 50 y 25%) por triplicado, con un testigo positivo (K<sub>2</sub>Cr<sub>2</sub>O<sub>7</sub>) y otro negativo (agua de dilución). Paralelamente se realizaron bioensayos con adultos de *Artemia franciscana* los cuales se expusieron durante 48 hrs. a los sedimentos. En los organismos supervivientes se realizó la evaluación de daño genético, por medio del Ensayo Cometa en una muestra compuesta, en la cual se revisaron 100 células, evaluándose la frecuencia de células con daño y la longitud de las caudas. Se detectó la presencia de compuestos con efectos genotóxicos en 3 estaciones (Ex batería 4, Centro de la laguna, y la Cuchupeta) durante todo el año. Así mismo el efecto deletéreo del ADN, evaluado con la técnica de electroforesis celular, fue mayor en los organismos expuestos a los sedimentos colectados en la época de secas (40% células con daño) que de lluvias (29% células con daño.). Los valores SOSIP (Potencial de inducción del SOS) y de daño genético obtenidos indican presencia de compuestos con genotóxicos en los sitios ubicados en la parte norte y central de la laguna donde hay influencia de corrientes que llegan al sistema. La genotoxicidad va disminuyendo conforme aumenta la distancia de estos puntos hacia el sur del cuerpo de agua. Este hecho posiblemente indica un aporte de compuestos tóxicos procedentes de las zonas cercanas a la laguna, donde se realizan actividades de extracción de hidrocarburos. La utilidad de este tipo de análisis es fundamental para detectar zonas de riesgo en los estudios de diagnóstico ambiental.

## SESIÓN IV. PRESENTACIONES ORALES

### ANÁLISIS GENÉTICO DE LAS MUTANTES EN RECOMBINACIÓN *recF*, *addAB* y *recFaddAB* EN CONVERSION GENICA INTERPLASMIDICA DE *Rhizobium etli* CE3

Rodríguez C y Caspeta MA.

Programa de Genética Molecular de Plásmidos Bacterianos. Centro de Investigación sobre Fijación de Nitrógeno. UNAM. Apdo. Postal 565-A. Cuernavaca, Mor. México. tel 777 317-58-67 o 56-22-76-91, Fax 777 317-55-81. [cesar@cifn.unam.mx](mailto:cesar@cifn.unam.mx).

*Rhizobium etli*, posee una gran cantidad de secuencias repetidas; como el operón *nifHDK* localizado en el plásmido simbiótico (pSim), que participa en eventos de amplificación, delección, inversión y conversión génica (CG), dependientes todos del gen *recA*. Se evaluó la participación de las vías del inicio de recombinación *recF* y *addAB* en CG interplasmídica en *R. etli* CE3. La metodología utilizada fue empleada anteriormente para detectar CG intermolecular entre los operones *nifHDK* del pSim y el plásmido pCRS7. La estrategia experimental consiste en introducir en el gen *nifD* del operón *nifHDK* un casete con los genes de kanamicina (sin promotor) y espectinomicina (con promotor propio). El promotor del gen de *nifH* regula la expresión del gen de kanamicina, constituyendo al plásmido control pCRS6 (KmrSpr). Al éste se insertaron 28 pb al gen *nifH* interrumpiendo así la transcripción del gen de kanamicina, correspondiendo al plásmido pCRS7 (KmsSpr). A los mutantes en recombinación de *R. etli* se les introdujo por conjugación los plásmidos pCRS6 y pCRS7. En las cepas que lleven el pCRS7 se evaluará CG al obtener convertantes resistentes a km70. Los resultados con las cepas CE3*recF* x pCRS6, CE3*addAB* x pCRS6 y CE3*recFaddAB* x pCRS6, indican que las mutaciones no afectaron la expresión del gen de kanamicina, obteniéndose a una frecuencia de  $1.83 \times 10^{-1}$ . Al evaluar CG interplasmídica en la cepa CE3 x pCRS7 en km70, se encontró una frecuencia de  $39.6 \times 10^{-6}$  (*recF* y *addAB* activas, 100%); en la mutante CE3*recF* x pCRS7 la frecuencia fue  $14.0 \times 10^{-6}$  (*addAB* activa, 35%); la mutante CE3*addAB* x pCRS7 presentó frecuencia de  $1.98 \times 10^{-6}$  (*recF* activa, 6%) y la doble mutante CE3*recFaddAB* x pCRS7 la frecuencia fue  $1.67 \times 10^{-6}$  (sin vías activas, 4%). Podemos concluir que al inicio de CG interplasmídica, los cortes en doble cadena ocurren más frecuentemente y son procesados por la vía *addAB*. Los cortes en cadena sencilla tienen menor participación y son rescatados por la vía *recF*. Con el análisis de la doble mutante no detectamos participación de vías alternas y/o supresores en el evento de CG interplasmídica en *R. etli*.

## **CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE UN POSIBLE HÍBRIDO ENTRE DOS ESPECIES DE CACTÁCEAS**

Alejos Velásquez LP, Monsalvo Reyes AC, Martínez García M y Campos Contreras JE  
UNAM, FES-Iztacala. E-mail: jcampos@servidor.unam.mx

**INTRODUCCIÓN.** La caracterización de especies híbridas permite investigar los efectos de este suceso en la integridad de las especies parentales. Además, los híbridos pueden llegar a ser nuevas especies si se aíslan reproductivamente de ambos parentales. Evidencia morfológica de hibridación se observó en el campo, entre dos especies del género *Neobuxbaumia*: *N. mezcalaensis* y *N. macrocephala*. Los posibles híbridos presentan dominancia fenotípica de una u otra especie. **OBJETIVOS.** Caracterizar por técnicas moleculares el estatus de hibridación. **METODOLOGÍA.** Se utilizaron técnicas moleculares de tipo RAPD, secuenciación del espaciador interno de transcripción (ITS) y DNA cloroplástico (cpDNA), así como la determinación del tamaño del genoma. **RESULTADOS.** Se analizaron 12 individuos híbridos. La agrupación formada con datos RAPD, muestran que los híbridos se agrupan con uno u otro parental independientemente del fenotipo al igual que con los datos de secuencia de la región ITS y cpDNA. El tamaño del genoma de los híbridos es mayor al de los parentales pero no significativamente. **CONCLUSIONES.** De acuerdo al análisis molecular existe información genética de ambas especies en los híbridos y las regiones analizadas no mantienen una relación con el fenotipo dominante. Las secuencias de los híbridos no presentan evolución concertada, encontrándose estos individuos en un proceso de “hibridación introgresiva”. Por otro lado, parentales e híbridos presentan patrón endoploide y no existen diferencias significativas en el contenido de ADN.

## **EFFECTOS TOXICOLÓGICOS POR DESCARGAS AL RÍO ATOYAC DE AGUAS NEGRAS E INDUSTRIALES, EN EL ESTADO DE TLAXCALA**

Delgado Rodríguez A, Ortiz-Martelo RI, Soto-Mora ES, Jiménez García O y García Chávez E.

Laboratorio de Mutagénesis y Química Ambiental, Centro de Investigación en Genética y Ambiente, Universidad Autónoma de Tlaxcala  
[alfredo@cci.uatx.mx](mailto:alfredo@cci.uatx.mx)

El río Atoyac pasa por el poniente de Tlaxcala, justo por una zona en la que se ubica industria de diversos giros; metal-mecánica, de cromado, cerámica y alimenticia, entre otros. Aunado a esto, personas de cinco comunidades de la región, han denunciado la presencia de enfermedades como: leucemias, púrpura trombocitopénica, anemias y otros tipos de cáncer; aparentemente causadas por contaminantes del río Atoyac, que desde hace tiempo es receptor de descargas que contienen residuos y sustancias químicas y aguas negras de origen municipal. Lo anterior generó la necesidad de establecer los efectos toxicológicos de las principales descargas vertidas al río. Para lo cual se acordó con el gobierno estatal la realización de una campaña de muestreo, de la cual se analizaron dos fechas, mismas que corresponden a los meses de octubre y noviembre del 2003, en tres sitios de descarga denominados: Quetzalcoatl (Q), San Mateo Ayeca (M1), y San Baltasar (M2). Se empleó la prueba de toxicidad aguda, con *Daphnia magna*, según los lineamientos establecidos en la norma mexicana NMX-074-ECOL-1994, para la determinación de la concentración letal 50 (CL50), mediante el análisis estadístico PROBIT. Para la valoración de genotoxicidad se usó el bioensayo de mutación y recombinación somáticas en alas de *Drosophila melanogaster*, con un cruzamiento de bioactivación elevada, la estadística empleada fue X<sup>2</sup>, con corrección de Yates. En ambos casos cada prueba se realizó por duplicado y en al menos tres concentraciones. En el caso de la prueba de toxicidad aguda, los resultados fueron inconsistentes. Con la prueba SMART, aún cuando todos los puntos estudiados contienen colorantes resultado del teñido o deslavado de telas de algodón, los datos obtenidos permitieron establecer diferencias en la respuesta genotóxica entre la muestra 1 y la 2. De igual forma, se obtuvo evidencia de que los contaminantes presentes en la corriente del sitio Q, pueden inducir genotoxicidad en SMART. Las diferencias obtenidas entre las muestras de octubre y de noviembre, se pueden deber a que los afluentes no sufren aparentemente algún tipo de tratamiento o control de la calidad del agua.



## VARIACION MICROGEOGRAFICA EN EL III CROMOSOMA DE *Drosophila pseudoobscura*.

Salceda Víctor M<sup>1</sup> Espinoza Velázquez y José<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, Km 36.5 Carretera México-Toluca, Salazar Edo. de México, [vmss@nuclear.inin.mx](mailto:vmss@nuclear.inin.mx), <sup>2</sup>Instituto Mexicano del Maíz, Universidad Autónoma Agraria "Antonio Narro", Buenavista, Saltillo, Coahuila. [imm@uaaan.mx](mailto:imm@uaaan.mx)

El polimorfismo cromosómico para el tercer cromosoma en poblaciones naturales de *D. pseudoobscura* ha sido ampliamente estudiado habiéndose encontrado considerables diferencias en poblaciones pertenecientes a diferentes regiones geográficas dentro del área de distribución de la especie, sin embargo existe poca información referente a este tipo de variación entre sitios cercanos. Las moscas fueron capturadas en trampas con fruta en fermentación, a partir de ellas se hicieron cultivos individuales y de cada uno se tomó una larva del tercer estadio a la que mediante disección se le extrajeron las glándulas salivares que se tiñeron con una solución de aceto-orceína y se obtuvieron cromosomas politénicos en donde se identificaron los diferentes genotipos de donde se calcularon las frecuencias relativas para cada inversión. Con el propósito de determinar la existencia de variación microgeográfica se hizo un análisis en este sentido en 12 poblaciones mexicanas de especie en 4 diferentes zonas geográficas. Un total de 767 terceros cromosomas correspondientes a 12 diferentes inversiones fueron analizados. El número de inversiones varío de una región a otra así como las frecuencias relativas de las mismas. En la región duranguense de 10 inversiones presentes 4 presentaron diferencias significativas en cuanto a sus frecuencias relativas; en la zona colindante entre Guanajuato y San Luis Potosí de un total de 5 diferentes inversiones solo tres mostraron diferencias significativas para las frecuencias relativas; en tanto que en la región chiapaneca solo una inversión de entre las 5 detectadas mostró diferencias significativas; sin embargo en la zona alrededor de Saltillo de entre 8 diferentes inversiones en 5 de ellas se encontraron diferencias significativas. Asimismo fue posible detectar la existencia de gradientes geográficos notorios para 4 inversiones en las localidades dentro del área de Saltillo, tres en la zona Guanajuato- San Luis Potosí y uno mas entre las poblaciones de Chiapas. De igual manera se encontraron tendencias en cuanto a la variación microgeográfica en las 4 regiones estudiadas. Se propone para un mejor entendimiento de este fenómeno la conducción de estudios comprendiendo un ciclo anual a fin de elucidar el comportamiento de las diferentes inversiones en estas y otras entidades de México.

Apoyo CONACyT convenio 31736-N

## DETECCIÓN DE LOS GENES SAP's, DAP2 Y STE13 EN *Candida dubliniensis* Y SU ACTIVIDAD BIOQUÍMICA

Casiano Rosas C, Bautista Muñoz C, Camarillo Chávez MG, Hernández Rodríguez CH y Villa Tanaca L

Departamento de Microbiología. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas del Instituto Politécnico Nacional [lvilla@encb.ipn.mx](mailto:lvilla@encb.ipn.mx)

**INTRODUCCIÓN.** *C. dubliniensis* es una nueva especie de levadura similar fenotípicamente a *C. albicans* pero diferente a nivel genético. Las aspartil proteinasas secretadas (Sap's) han sido estudiadas en *C. albicans* como factores de virulencia, están codificadas por una familia de multigenes (SAP1-SAP10). También se han detectados otras proteasas como las dipeptidil aminopeptidasas (Dap,s) codificadas por los genes DAP2 y STE13 en *C. albicans* e involucradas probablemente en la maduración de otras proteínas. **Objetivo.** Detectar la presencia de los genes SAP1-SAP6, DAP2 y STE13 en *C. dubliniensis* así como la actividad bioquímica para la que codifican. **METODOLOGÍA.** Se utilizaron las cepas *C. albicans* ATCC 10231 y *C. dubliniensis* (CD36 y CD92). La localización de los genes SAP's: SAP1-SAP3, SAP4-SAP6, SAP1, SAP2, SAP3; y STE13 y DAP2 se realizó por análisis Southern con DNA genómico de *C. dubliniensis* e hibridado con sondas heterólogas de *C. albicans*. Para la actividad bioquímica se utilizaron como los substratos: albúmina-citratos pH 3.2 (actividad Sap) y así como Ala-Pro pNa (actividad Dap). **RESULTADOS.** El análisis Southern mostró la presencia de bandas de hibridación con todas las sondas de DNA de los genes ensayados. El tamaño y número de bandas de hibridación detectados con cada una de las sondas son los siguientes: SAP1 (4620 y 3841 pb), SAP2 (4626 y 4110 pb), SAP3 (4749 pb), DAP2 (4409 pb), STE13 (3338 pb y 778 pb), SAP1-SAP3 (3401 y 3036 pb), SAP4-SAP6 (3329). Cabe señalar que la detección de dos bandas para los genes SAP1, SAP2 y STE13, puede indicar la presencia de un sitio de corte EcoRI interno para cada uno de estos genes. *C. dubliniensis* presentó actividad Sap y Dap, ambas actividades están reguladas por la fuente de nitrógeno y fase de crecimiento. **CONCLUSIONES.** El genoma completo de *C. dubliniensis* presentó genes cuya secuencia tiene una alta homología con las secuencias de los genes SAP1-SAP6, DAP2 y STE13 descritos en *C. albicans*. Las actividades proteolíticas detectadas sugieren la posibilidad de tener una función equivalente a la que presentan en *C. albicans*, específicamente la actividad Sap como factor de virulencia y la actividad Dap como proteasa del control post-traducciona.

# CONFERENCIA MAGISTRAL

## GENÉTICA EVOLUTIVA

Fernando Cervantes Reza

Departamento de Zoología, Instituto de Biología, UNAM. fac@ibiologia.unam.mx

## SESIÓN II. PRESENTACIONES EN CARTEL

### EVALUACIÓN MUTAGÉNICA Y ANTIMUTAGÉNICA DE EXTRACTOS ACUOSOS DE *Stevia pilosa* y *Stevia serrata*.

Cariño Cortés R<sup>1,5</sup>, Arriaga Alba M<sup>2</sup>, González Ávila M<sup>3</sup>, Torres Valencia JM<sup>4</sup>, Madrigal Bujaidar E<sup>5</sup>, Hernández Ceruelos A<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Farmacología, Instituto de Ciencias de la Salud, UAEH. e-mail: [raquenat445@hotmail.com](mailto:raquenat445@hotmail.com) <sup>2</sup>Laboratorio de Investigación microbiológica, Hospital Juárez de México, SS. <sup>3</sup>Laboratorio de Biotecnología, Universidad Politécnica de Pachuca. <sup>4</sup>Laboratorio de Investigación Química, centro de Investigaciones Químicas, UAEH. <sup>5</sup>Laboratorio de Genética, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN.

Existen en el planeta entre 370,000 y 500,000 especies vegetales, las cuales elaboran metabolitos de interés terapéutico. A la fecha sólo se han investigado fitoquímicamente el 10%, considerándose como medicinales alrededor de 12,000 especies. El género *Stevia* comprende unas 230 especies, con más de 70 nativas de México. Se han descrito algunos usos en medicina tradicional para el género, y varios compuestos presentes en *Stevia*, (obtenidos de otros géneros), han mostrado bioactividad importante. Los estudios químicos de *S. pilosa*, *S. serrata*, han mostrado lactonas sesquiterpénicas, longipinenos, diterpenos cíclicos, valeranonas, bisabolenos, flavonoides,  $\beta$ -sitosterol y estigmasterol. Considerando lo anterior, el objetivo del presente trabajo fue evaluar la seguridad toxicológica de los extractos acuosos de *Stevia pilosa* y *Stevia serrata* mediante el estudio de su mutagenicidad con la prueba de Ames con las cepas TA 98, TA 100 y TA 102 de *Salmonella typhimurium* con y sin activación metabólica. Además, se estudió su capacidad antimutagénica contra 2-AA, ENNG y Mit C con el mismo modelo. Los resultados indican que: 1) únicamente los extractos acuosos de las hojas de *S. pilosa* y *S. serrata* con S9 (método estándar y de preincubación) fueron mutagénicos; ninguno de los extractos induce mutaciones por sustitución de pares de bases y no fueron mutagénicos con la cepa TA102; 2) ninguno de los extractos fue tóxico, ya que el porcentaje de sobrevivencia evaluado en la cepa TA98 fue del 68 al 89%; 3) todos reducen significativamente el efecto mutagénico del 2-AA, ENNG y Mit C. La máxima inhibición fue del 97, 96 y 97%, respectivamente. La reducción de mutaciones inducidas por mutágenos conocidos por los extractos de *S. pilosa* y *S. serrata* es importante, y aún se requieren más estudios para establecer su mecanismo de acción así como evaluar si son capaces de inducir mecanismos celulares de reparación de daños al ADN.

## CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE LA MUTACIÓN G574S ENCONTRADA EN EL GEN HNF1a EN PACIENTES CON *DIABETES MELLITUS* TIPO 2

Miliar García A<sup>1</sup>, Domínguez López<sup>2</sup> A, Navalón García K.<sup>1</sup>, Díaz Vargas ME<sup>1</sup>, Ramírez Jiménez S<sup>2</sup>, Canizales Quinteros S<sup>2</sup>, Riba L<sup>2</sup>, Rodríguez Torres M<sup>2</sup>, González Chávez<sup>3</sup> A, Monroy Guzmán<sup>2</sup> A, Argueta V, Aguilar Salinas C<sup>4</sup> and Tusié Luna MT<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Sección de Estudios de Posgrado e Investigación. Escuela Superior de Medicina del Instituto Politécnico Nacional. México D.F e-mail: [miliarg69@aol.com](mailto:miliarg69@aol.com). <sup>2</sup>Unidad de Biología Molecular y Medicina Genómica del Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán y del Instituto de Investigaciones Biomédicas de la Universidad Nacional Autónoma de México, México DF. <sup>3</sup>Hospital General de México, México D.F. <sup>4</sup>Departamento de Endocrinología y Metabolismo del Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán, Mexico DF.

**INTRODUCCIÓN** La *diabetes mellitus* es una enfermedad crónica degenerativa y en México su prevalencia es del 8.2% entre edades de 18 a 65 años, una de las más altas del mundo. La *diabetes mellitus* tipo 2 es clínica y genéticamente heterogénea. Han sido descritas mutaciones en los factores transcripcionales HNF-1 $\alpha$ , HNF-1 $\beta$ , HNF-4, IPF, y HNF-3 $\beta$  que resultan en un defecto en la síntesis o secreción de insulina. Estos genes son positivos del gen de la insulina y otros genes específicos de la célula  $\beta$ . **OBJETIVO** Caracterizar funcionalmente los efectos de la mutación G574S en el gen HNF1 $\alpha$  y su posible correlación con un fenotipo particular. **Metodología** Se realizó un cribado para la mutación G574S del gen HNF1 $\alpha$  en cincuenta y nueve sujetos con diagnóstico de diabetes mellitus tipo 2 con nefropatía diabética y agregación familiar para la diabetes. Todos los familiares dispuestos portadores de la mutación fueron estudiados. Se llevó a cabo el análisis funcional de la proteína recombinante G574S-HNF1 $\alpha$  mediante ensayos *in vitro* de co-transfección en células RINm5f para observar la actividad transcripcional de la proteína sobre el promotor del gen de la insulina humana y análisis por Western blot. **RESULTADOS** El análisis de los 59 pacientes nos permitió la identificación de dos individuos con un cambio heterocigoto produciendo la sustitución de una glicina por una serina en la posición 574 (G574S) de la proteína. La co-segregación de esta mutación con la diabetes mellitus tipo 2 mostró un patrón autosómico dominante en una familia. En células RINm5f, la proteína G574S-HNF1 $\alpha$  mostró un 40% menos en la capacidad de activación de la transcripción del gen reportero cuando se comparo con la proteína silvestre. El análisis de Western blot muestran que no hay alteración en la expresión de la proteína. **CONCLUSIÓN** El alelo G574S tiene consecuencias funcionales que afectan la función de la célula beta-pancrática tal como se observó al provocar una disminución del 40% en la actividad de transactivación sobre el promotor del gen de la insulina humana, sin embargo la magnitud de este efecto no es suficiente para reflejar una deficiencia secretoria en los pacientes portadores de esta variante

## TRISOMIA 2p21 $\rightarrow$ pter Y MONOSOMIA 8p21 $\rightarrow$ pter EN MOSAICO: REPORTE DE UN CASO.

Ramos S, Martínez A, González A, Molina B.

Departamento de Investigación en Genética Humana, Instituto Nacional de Pediatría. México DF [sera\\_ramos@hotmail.com](mailto:sera_ramos@hotmail.com)

Las características clínicas más comunes en la trisomía parcial 2p son el retraso mental, las anomalías craneofaciales y genitales; mientras que en la monosomía 8p son el retraso en el crecimiento, dismorfias faciales, defectos cardíacos congénitos y problemas de comportamiento. En ambos casos se ha observado variabilidad en los cuadros clínicos, dependiendo del tamaño del segmento involucrado y no se ha reportado la presencia de mosaico celular. En este trabajo se presenta el primer caso de una alteración estructural *de novo* entre los cromosomas 2 y 8 en mosaico. Se presenta femenina de dos años 5 meses, IV producto de padres jóvenes no consanguíneos y sanos. Se realizó cariotipo en linfocitos y fibroblastos del paciente con bandas GTG e hibridación *in situ* con fluorescencia (FISH) utilizando sondas de tinción completa, secuencia única y teloméricas. El cariotipo fue: mos46,XX,der(8)(8qter $\rightarrow$ 8p21::2p21 $\rightarrow$ pter),9qh+[24] /46,XX,9qh+[26]. El cariotipo en ambos padres fue normal. La paciente presenta dos alteraciones estructurales, una trisomía parcial 2p21 $\rightarrow$ pter y una monosomía parcial 8p21 $\rightarrow$ pter, sin embargo, no tiene el fenotipo clásico descrito para estas alteraciones porque existe un mosaico celular en el que aproximadamente el 50% de las células son normales. Estas alteraciones probablemente se originaron en una etapa muy temprana del desarrollo con un evento de intercambio de cromátidas no hermanas entre los cromosomas 2 y 8 durante las primeras divisiones postcigóticas, de tal manera que se pudieron generar tres clones celulares: una normal, otra con trisomía 2p y monosomía 8p y la tercera con monosomía 2p y trisomía 8p. En este paciente únicamente se observaron las dos primeras líneas celulares en linfocitos y en biopsia de piel hipopigmentada.

## BIOCOMPATIBILIDAD DE LA ZEOLITA ALPO tipo CHA<sub>4</sub> ENRIQUECIDA CON Zn E Ca(OH)<sub>2</sub>

<sup>1</sup>Dávalos de la Cruz KV, <sup>1</sup>Aguilar SMA <sup>2</sup>Piña MC, <sup>2</sup>Tejeda A

<sup>1</sup>Universidad Autónoma Metropolitana, Iztapalapa. <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones en Materiales, UNAM e-mail kvdc78@yahoo.com

Las zeolitas son un grupo de aluminosilicatos cuya estructura forma cavidades ocupadas por grandes iones y moléculas de agua y este tipo de material ha sido únicamente utilizado a nivel industrial. La zeolita ALPO tipo CHA<sub>4</sub> es una cerámica activa, sintetizada en el Instituto de Investigaciones en Materiales de la UNAM, la cual se caracteriza por su composición de fosfato de aluminio adicionada con Zn y Ca(OH)<sub>2</sub>. En experimentos preliminares realizados con ratas de laboratorio, esta cerámica mostró grandes propiedades para inducir una buena cicatrización de la piel de los animales experimentales. Con el fin de determinar la inocuidad de la zeolita ALPO tipo CHA<sub>4</sub> se realizaron pruebas de biocompatibilidad en cultivos de linfocitos humanos de 6 donadores expuestos a tres diferentes concentraciones de zeolita empleando como biomarcadores el índice mitótico, la frecuencia de alteraciones cromosómicas estructurales y numéricas así como la longitud de la migración del ADN dañado (electroforesis unicelular). Los resultados del índice mitótico indican que la cerámica probada no alteró significativamente la proporción de células en división, por lo que es probable que la zeolita promueva la cicatrización del tejido sin afectar la cinética de proliferación propia del organismo; tampoco se registró que afectara de manera significativa el número o la estructura cromosómica. Con respecto al efecto sobre la estructura del ADN no se registraron diferencias significativas en la proporción de células con daño, ni en la longitud promedio de la migración. Estos resultados permiten concluir que la zeolita ALPO tipo CHA<sub>4</sub> es biocompatible pues no afecta la proliferación celular, ni la estructura o el número cromosómico, ni daña la integridad de la molécula de ADN.

## ESTUDIO CARIOTÍPICO DE *Reithodontomys* PARA LA DETERMINACIÓN DE UNA POSIBLE NUEVA ESPECIE

<sup>1</sup>Urbina Sánchez Irma, <sup>1</sup>Aguilar S, Ma Angeles, <sup>2</sup>Arellano Arenas Elisabeth, <sup>3</sup>Rogers Duke<sup>1</sup>

Universidad Autónoma Metropolitana–Iztapalapa, <sup>2</sup>Universidad Autónoma del Estado de Morelos, <sup>3</sup>Brigham Young University (Utah, EUA)  
pirmar@yahoo.com.mx

El género *Reithodontomys*, ampliamente representado en nuestro país, incluye un grupo de roedores caracterizado por una gran diversidad morfológica y ecológica así como variabilidad cromosómica y genética. Arellano *et al.* (2003) y Arellano (1999) han estudiado las relaciones evolutivas de las especies del género con marcadores moleculares como aloenzimas y secuencias de ADNmit. Varias especies dentro del género han mostrado altos niveles de divergencia genética lo cual hace suponer que hay dos o más especies dentro de cada una. Esta parece ser la situación de las poblaciones de *R. mexicanus* que se distribuyen del Norte de Oaxaca, hacia la Sierra Madre Oriental, ya que los datos de ADNmit e isoenzimas separan a la población de Puerto de la Soledad, Oax., de las otras de la misma especie. Con el fin de contar con una evidencia adicional e independiente que contribuya a discriminar las dos posibles especies, se analizó el cariotipo de ejemplares colectados en Puerto de la Soledad, Oaxaca. Se obtuvieron preparaciones de cromosomas de 4 individuos (1 hembra; 3 machos). El número diploide se determinó contando el número de cromosomas presentes en 50 mitosis por ejemplar. Se elaboraron 5 cariotipos de cada espécimen ordenando los cromosomas con base en el de *R. mexicanus*. Del análisis cromosómico (no. diploide, no. fundamental, no. de cromosomas monorráneos y birráneos, morfología de los cromosomas sexuales X e Y) se desprende que el cariotipo de la población de roedores estudiada difiere del de *R. mexicanus* y de otros organismos del mismo género, lo cual apoya la posibilidad de que constituya una nueva especie.

## ESTUDIO DE LA BIOCOMPATIBILIDAD *in vitro* DE CEMENTOS DE POLIALQUENOATO CON BASE EN VIDRIO DE FLUROALUMINOSILICATO Y POLI(ÁCIDO g-GLUTÁMICO) DE ORIGEN MICROBIANO

<sup>1</sup>Ledezma Pérez AS, <sup>2</sup>Aguilar SMÁ, <sup>2</sup>Flores Rojas G, <sup>2</sup>Dávalos de la Cruz KV, <sup>1</sup>Romero García J, <sup>2</sup>Vargas Gutiérrez G, <sup>1</sup>Arias Marín E  
<sup>1</sup>Centro de Investigación en Química Aplicada. Saltillo, Coah. <sup>2</sup>Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa.  
<sup>3</sup>Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN, Unidad Saltillo. maas@xanum.uam.mx

Los cementos de polialquenoato vítreo (CPAV) son materiales compuestos con aplicación importante en la reparación y corrección de daños en huesos y dientes por trauma o enfermedad. Su preparación deriva de la interacción de un poli-ácido, generalmente poli(ácido acrílico) y un vidrio lixiviable de fluoroaluminosilicato, cuyas propiedades físicas y de biocompatibilidad están en función de la composición del vidrio y del polímero utilizado. En este trabajo se describe la evaluación citotóxica y genotóxica de dos cementos con base en un vidrio de fluoroaluminosilicato y poli(ácido  $\gamma$ -glutámico) de origen microbiano, uno de formulación nueva y el otro de marca comercial, así como de sus respectivos componentes (vítreo y polimérico). Para ello se cultivaron linfocitos de sangre periférica de 9 donadores (2 mujeres y 7 hombres) y se expusieron durante las últimas 48 horas de incubación a 37°C a los materiales a probar. Ninguno de los cementos ni sus respectivos componentes afectó significativamente el índice mitótico. Tampoco se registró diferencia significativa en lo que a proporción de células con daño y migración promedio del ADN se refiere ( $< 10 \mu\text{m}$ ), excepto en los cultivos expuestos a los componentes poliméricos de los cementos probados. El polímero sintético que se emplea en la preparación del cemento comercial resultó más tóxico (longitud promedio  $\sim 30 \mu\text{m}$ ) que el polímero microbiano del nuevo cemento cuya migración,  $< 20 \mu\text{m}$ , que, aunque significativa, corresponde al menor nivel de daño. Este dato apoya el empleo de polímeros naturales en la elaboración de biomateriales y resalta la importancia de evitar que al formarse el cemento queden residuos de polímero sin reaccionar. Estos resultados apoyan la posible utilización del nuevo cemento como biomaterial en el campo de la ortodoncia restaurativa.

## DETERMINACIÓN DEL EFECTO DE LA LEPTINA, SOBRE LA FRECUENCIA APOPTOSICA INDUCIDA POR DESNUTRICIÓN Y DEXAMETASONA EN CÉLULAS DEL SISTEMA INMUNE DE RATA

Estrada-Juárez H\*, Altamirano Lozano M<sup>+</sup>, Gómez Olivares J<sup>®</sup>, Ortiz Muñiz R\*.

Apartado Postal 55-535, CP 09340, [hestradaj@hotmail.com](mailto:hestradaj@hotmail.com) \*Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo UAM-Iztapalapa. <sup>+</sup>FES-Zaragoza

La apoptosis se relaciona con el desarrollo y con la eliminación celular y puede alterarse en organismos desnutridos. En el presente trabajo se evalúa el efecto de la leptina sobre la frecuencia apoptótica inducida por desnutrición y por dexametasona, en linfocitos. Se utilizaron células de timo y bazo de ratas Wistar de 21 días de nacidas, a las que se les indujo la desnutrición por competencia alimenticia (DN) y se compararon con células de ratas bien nutridas (BN). Los órganos se disectaron y pesaron. Las células se disgregan y se cultivaban a densidad de  $1 \times 10^6$ , en medio ISCOVE; 6 horas antes de cosecharlas se adicionó  $1 \mu\text{M}$  de dexametasona y en su caso, una hora antes de la cosecha se adicionó 10ng de leptina. La frecuencia apoptótica se cuantificó por el marcaje con Anexina-V, evaluándose por citometría de flujo. Los organismos desnutridos presentaron deficiencia de peso corporal del 64.8%, así como del peso de los órganos: 71.43% el timo y 65.81% el bazo. La desnutrición incrementó la mortalidad basal, en timo fue de 24.58% en BN contra 37.59% en DN, en bazo de 10.23% BN contra 29.66% DN, esto sugiere que las deficiencias inmunológicas podrían deberse al incremento en la muerte celular del timo, debido a que en él se realiza la primera diferenciación independiente de antígeno. En cultivos tratados con leptina las frecuencias fueron similares a las de cultivos sin tratamiento. Los cultivos tratados con dexametasona, presentaron incremento en la apoptosis, en timo (37.24%) y en bazo (27.61%) de ratas BN y de 47.88% y 40.33% respectivamente de DN. Al ser tratados con leptina la frecuencia de apoptosis disminuyó a 27.63%; 12.84%; 36.77% y 12.8% respectivamente. La leptina no disminuye claramente la apoptosis en organismos BN, las frecuencias en ambos casos fueron similares (en timo 24.58% en el control contra 27.63% en los tratados con leptina y en bazo fue de 10.23% contra 12.84%). En cultivo de linfocitos de timo y bazo, la leptina no tiene efecto en la frecuencia apoptótica de las ratas BN. Tampoco disminuye la inducida por desnutrición, pero sí reduce la inducida por la dexametasona.

Proyecto de Doctorado, apoyado por CONACYT: 153494 APOYO FOMES 98-35-28

## GENOTOXICIDAD DEL COLORANTE CUMARINICO LQM231 UTILIZADO EN TINCIONES CROMOSOMICAS

Díaz Barriga S, Zárate H, Ángeles E y Rivera S.

Laboratorio de Citogenética y Laboratorio de Química Medicinal, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, UNAM. e-mail: [sadibar@correo.unam.mx](mailto:sadibar@correo.unam.mx)

Dentro de un grupo de 14 compuestos derivados cumarínicos diseñados por computadora, se detectó la capacidad fluorescente de varios de ellos y se probaron como colorantes para determinaciones citogenéticas. Se ensayó su aplicabilidad en las técnicas de micronúcleos, ensayo de electroforesis unicelular (ensayo cometa) y tinción cromosómica con y sin pretratamiento para bandeó. En este primer análisis se encontró que el compuesto LQM231 presentó las tinciones más satisfactorias para los cometas del ensayo de electroforesis unicelular en gel y para la tinción cromosómica sin pretratamiento. El siguiente paso en relación a este novedoso compuesto fue el determinar su potencial genotóxico, ya que la mayor parte de los compuestos con características fluorescentes suelen tener un efecto mutagénico y carcinogénico importante. Además de determinar la DL50 del compuesto LQM231 por el método de Lorke, se realizó la prueba de micronúcleos *in vivo*, utilizando para ello lotes de 5 ratones CD1, machos de 20 a 25 g, a los cuales se les tomó un frotis de sangre periférica de la cola antes y después de 24, 48 y 72 horas de la administración del compuesto vía intraperitoneal a las dosis de 8, 16 y 32 mg/Kg. Se emplearon también lotes de animales control positivo (ifosfamida 60mg/Kg) y negativo (DMSO que fue el solvente del compuesto). Se evaluó la frecuencia de eritrocitos policromáticos micronucleados (EPCMN) por cada 1000 EPC y la relación de eritrocitos policromáticos (EPC) entre eritrocitos normocromáticos (ENC). Los resultados indican que LQM231 es clastogénico, pero comparado con ifosfamida, es menos genotóxico.

## ALTERACIONES EN EL TIEMPO DE CICLO CELULAR EN CÉLULAS DE BAZO DE RATAS CON DESNUTRICIÓN SEVERA DE 21 DÍAS DE EDAD.

Cortés E<sup>1</sup>\*, Ceballos I<sup>1</sup>, González H<sup>1</sup>, Rodríguez L<sup>1</sup>, Gómez José L<sup>1</sup>, Altamirano M<sup>2</sup>, Ortiz R<sup>1</sup>.

Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo, Depto. de Ciencias de la Salud, DCBS, Universidad Autónoma Metropolitana<sup>1</sup>, Unidad Iztapalapa. FES-Zaragoza, UNAM<sup>2</sup>. \* Estudiante del Doctorado en Ciencias Biológicas (UAM) [cobe@xanum.uam.mx](mailto:cobe@xanum.uam.mx)

En México, según la Encuesta Nacional de Nutrición de 1999, cerca de cuatro millones de niños menores de cinco años presenta algún grado de desnutrición. Es por lo anterior que se hace necesario estudiar los efectos derivados de este padecimiento. Para estudiar los efectos de la desnutrición, ha sido de gran utilidad realizar estudios con el modelo experimental en ratas, ya que ofrece la ventaja de controlar variables que pudieran enmascarar o alterar los efectos. El objetivo de este trabajo es detectar alteraciones en el ciclo celular por medio de citometría de flujo, usando un análogo de la timidina, la bromodesoxiuridina, en células de bazo en ratas bien nutridas (BN) y desnutridas (Desn) experimentalmente durante la lactancia. A los 21 días de edad, las ratas fueron inyectadas intraperitonealmente con bromodesoxiuridina (BrdU) en una relación de 1mg/g de peso. Transcurrido el tiempo de incorporación (8 h), fueron sacrificadas y se disectó bazo. Posteriormente se disgregó en una solución salina de fosfatos, y se usó un anticuerpo contra BrdU para detectar su incorporación y yoduro de propidio para detectar las diferentes fases del ciclo por contenido de ADN. Finalmente las células fueron analizadas por citometría de flujo, en gráficas de contorno de contenido de ADN contra incorporación de BrdU, donde se determinó el porcentaje de células positivas a BrdU. Se calculó el tiempo de duración de la fase S (Ts) y el tiempo en el cual se duplicaría la población de células si no hay pérdida celular (Tpot). En las ratas BN se observa que la duración de la fase S fue de  $17.4 \pm 2.1$  h mientras que en las ratas Desn fue de  $22.2 \pm 1.9$  h, sin embargo no se encontró diferencia estadística. Los valores de Tpot fueron de  $49.5 \pm 4.7$  h para las ratas BN y de  $89.6 \pm 12.8$  h en las ratas Desn, encontrándose diferencia estadística ( $p < 0.025$ ). Estos resultados muestran que la desnutrición severa afecta la proliferación de células de bazo, sin modificar significativamente la duración de la fase S.

Agradecimientos a la MVZ Rocío González Vieyra por las facilidades del Bioterio. Apoyo FOMES: 98-35-28.

## LOS CROMOSOMAS DE LA ALMEJA *Corbicula fluminea* DEL RIO BRAVO, CHIHUAHUA.

<sup>1</sup>Leal TBA, <sup>2</sup>Bojórquez RG y <sup>3</sup>Márquez, BC.

<sup>1</sup>Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, Cd. Juárez, Chih., Tel. 01(656)6881883 [Leal\\_2000@hotmail.com](mailto:Leal_2000@hotmail.com) <sup>2</sup>Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, Cd. Juárez, Chih., Tel. 01 (656) 6881883 [gbojorq@uaci.mx](mailto:gbojorq@uaci.mx) <sup>3</sup>Universidad Autónoma de Baja California, Fac. de Ciencias, Ensenada, BC Tel. y Fax 01(646)1744560 ext.123, [cmarquez@uabc.mx](mailto:cmarquez@uabc.mx)

La almeja *Corbicula fluminea* (Müller, 1774) proviene del sureste de Asia y a partir de ahí se ha distribuido hasta regiones tan distantes como África, Europa y América. Los primeros especímenes se recolectaron en Columbia Británica, Canadá, en 1924 y a partir de aquellas fechas se ha extendido hacia el sur del continente, encontrándose en canales y ríos mexicanos de Baja California y Chihuahua. La invasión de las fuentes y cuerpos de agua dulce por parte de bivalvos es de interés en muchos aspectos, pero uno de ellos es porque afecta las tuberías que conducen el agua. El conocimiento biológico básico es fundamental para la caracterización apropiada y manejo de las especies exóticas e invasoras. La caracterización citogenética es un aspecto básico en biología y por ello se aborda este problema en el presente trabajo. Se recolectaron 60 almejas del río Bravo, se llevaron a las instalaciones de la UACJ y se colocaron en acuarios. Posteriormente los organismos fueron colocados en recipientes con 400ml de agua y tratados con colchicina a una concentración final de 0.04% durante 48 hrs con el propósito de obtener células en metafase. Luego se extrajeron las branquias y las células fueron disgregadas mediante un raspado y agitación para luego ser colocadas en agua destilada durante 20 min y romper las células, como fijador se utilizó una mezcla de metanol-ácido acético a una proporción de 3:1. Las preparaciones se hicieron mediante la técnica de goteo y secado a la flama, y la tinción fue con Giemsa diluido 1:20 en amortiguador de fosfatos. Al final se escogieron 40 organismos que fueron de los que se obtuvieron las mejores metafases. Del análisis de 250 fotografías de metafases se determinó que el 50 % presenta 56 cromosomas, 30 % muestra 50 cromosomas y el resto otros números. Por lo tanto el 2n observado es 56. Los cromosomas son: 2 pares de metacéntricos que son los de mayor tamaño, 6 pares de metacéntricos que tienden a submetacéntricos, 9 pares de submetacéntricos y el resto son acrocéntricos.

## FRECUENCIA DE ALTERACIONES CROMOSÓMICAS EN PADECIMIENTOS DE ORIGEN GENÉTICO

Rebollar Rodríguez MC, Sierra Martínez M, García Jiménez E, Chávez Ocaña S y Vergara Ma. Dolores  
Laboratorio de Genética, Hospital Juárez de México SSA. [hjmmn@icqmail.com](mailto:hjmmn@icqmail.com)

**INTRODUCCIÓN:** Dentro de las patologías de etiología genética, los padecimientos que involucran alteraciones de cromosomas tienen una relación importante con la prevalencia que representan, siendo en algunos casos un problema de salud pública. Por ello, los diagnósticos clínicos y citogenéticos de rutina para la detección, tratamiento, prevención y asesoramiento de enfermedades genéticas juegan un papel importante para poder tener un mejor conocimiento en este tipo de patologías. **OBJETIVO:** Reportar y Correlacionar los hallazgos citogenéticos de padecimientos de etiología cromosómica en los pacientes que acudieron al Servicio de Genética del Hospital Juárez de México. **MATERIAL Y MÉTODOS:** Se evaluaron 170 pacientes en un periodo comprendido de enero del 2002-agosto del 2004. Se les realizó cultivo de linfocitos de sangre periférica con técnica habitual, los cariotipos fueron analizados por técnica de bandas GTG y reportándose según los criterios del Sistema Internacional de Nomenclatura Citogenética (ISCN, 1995). **RESULTADOS Y DISCUSIÓN.** De 170 pacientes, 82 fueron del sexo masculino y 88 del femenino y edad promedio de 23 años. A todos los pacientes se les realizó el estudio citogenético, de los cuales 120 pacientes (71%) tuvieron un cariotipo normal y el 29% restante correspondió a alguna alteración de tipo estructural (AE) o numérica (AN), se les realizó la historia clínica, así como su árbol genealógico para conocer si tenían antecedentes familiares con este tipo de patología. Las AN fueron las de mayor incidencia (60%), 18 pacientes presentaron alteración en cromosomas sexuales, 9 en el cromosoma 21 y 3 tuvieron un cromosoma marcador desconociéndose su origen. Dentro de las AE también los cromosomas sexuales fueron los de mayor frecuencia [ej. 46,XY,delYq(p11→q11); 46,XX,r(X)(:p22.2-q23::)], presentándose diversos tipos de polimorfismos en cromosomas acrocéntricos, con variación en tamaño, tallos y satélites en estos pacientes. Los hallazgos se asociaron con una probable infertilidad por los antecedentes clínicos. **CONCLUSIONES.** La finalidad de diagnosticar este tipo de patologías es para contribuir a reducir la incidencia de las alteraciones genéticas de origen cromosómico en la población y así poder confirmar un diagnóstico para dar un mejor manejo, tratamiento y asesoramiento.

## RELACIONES TAXONÓMICAS ENTRE LAS ESPECIES DE *Poblana De Buen (Pisces: Atherinopsidae)* POR MEDIO DE MARCADORES MOLECULARES.

Ruiz EA<sup>1</sup> y Zúñiga G<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Variación Biológica y Evolución, Departamento de Zoología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Prolongación de Carpio y Plan de Ayala s/n Col. Casco de Santo Tomás, C.P. 11340 México DF, México. (e-mail: [eruizc@encb.ipn.mx](mailto:eruizc@encb.ipn.mx), [gzuniga@bios.ipn.mx](mailto:gzuniga@bios.ipn.mx))

**INTRODUCCIÓN:** El género *Poblana* fue establecido en 1945 por De Buen, desde entonces la taxonomía del grupo ha sido revisada continuamente. Actualmente se reconocen dos especies, *P. ferdebueni* y *P. alchichica*, esta última con tres subespecies: *P. a. alchichica*, *P. a. letholepis* y *P. a. squamata*. No obstante, evidencia bioquímica y molecular sugiere que la distinción que hasta ahora se ha hecho de las subespecies es innecesaria y que el género puede no ser válido taxonómicamente. Recientemente, se ha demostrado que la región control del mtDNA es adecuada para resolver problemas taxonómicos complejos, ya que el genoma mitocondrial tiene una serie de propiedades que lo hacen muy útil para reconstruir historias filogenéticas, sobre todo en grupos de peces estrechamente relacionados. **OBJETIVO** El objetivo de presente trabajo fue determinar las relaciones taxonómicas entre las subespecies de *Poblana*, mediante el análisis de un fragmento de la región control del DNA mitocondrial. **Método** Se analizaron 51 ejemplares de las tres subespecies de *Poblana* y 13 de las especies *Chirostoma a. attenuatum*, *C. a. zirahuen*, *C. estor*, *C. grandocule*, *C. humboldtianum*, *C. patzcuaro* y *C. riojai*. El DNA se obtuvo del tejido cerebral de los peces y se amplificó por medio de iniciadores específicos mediante la PCR. Las secuencias del fragmento amplificado se alinearon y editaron para establecer las relaciones taxonómicas por métodos de Máxima Parsimonia (MP) y Distancia. **RESULTADOS Y CONCLUSIONES** Las secuencias obtenidas de 63 diferentes individuos fueron alineadas para construir una matriz de datos moleculares (incluyendo inserciones y huecos). La relación entre las transiciones/transversiones fue de 3.779, revelando un sesgo en la composición de las bases nucleotídicas. El número de sustituciones presentes en cualquiera de las secuencias de los individuos del género *Poblana* no es suficientemente grande para poder distinguir grupos dentro del mismo. El análisis de 478 caracteres (pares de bases) y las topologías obtenidos por ambos métodos confirman que no hay razón para mantener las tres subespecies del género *Poblana*: *P. a. alchichica*, *P. a. letholepis* y *P. a. squamata*; y ponen en duda la existencia del género *Poblana*.

## PEQUEÑO CROMOSOMA SUPERNUMERARIO Y ANILLO DEL 21 EN MOSAICO.

Martínez A<sup>1</sup>, Molina B<sup>1</sup>, Lieberman, E<sup>1</sup>, Ulloa V<sup>1</sup>, Arenas D<sup>2</sup>, Valladares A<sup>2</sup>, Pérez P<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Depto Inv. Genética Humana, Instituto Nacional de Pediatría y <sup>2</sup>Centro Médico Nacional siglo XXI, México DF [angymat@hotmail.com.mx](mailto:angymat@hotmail.com.mx)

Los pequeños marcadores supernumerarios se definen como pequeños cromosomas anormales extras en el cariotipo normal. En la actualidad se han reportado más de 35 casos y en la mayoría el origen es *de novo*. Los fenotipos asociados a estos marcadores varía dependiendo la cantidad de eucromatina y el cromosoma involucrado; en general, las características clínicas más comunes son: retraso psicomotor y del desarrollo, así como algunas dismorfias. Por otro lado, los reportes de pacientes con un anillo del cromosoma 21 extra en mosaico y fenotipo compatible con Síndrome de Down son escasos. Se presenta un paciente masculino, de 2 años 5 meses de edad, primer producto de padres jóvenes no consanguíneos. A la EF se observó RPM, peso y talla <P3, frontal prominente, microftalmia de ojo izquierdo, puente nasal deprimido, narinas antevertidas, fisuras palpebrales ligeramente hacia arriba, labios gruesos, pabellones auriculares pequeños, cuello corto, tórax ancho; palmares aberrantes e hipotonía en miembros, USG renal normal. Se realizó cariotipo con bandas GTG de linfocitos de sangre periférica y médula ósea del paciente y de ambos padres. El análisis con bandas GTG reveló un cariotipo en mosaico con dos tipos de cromosomas supernumerarios: a) un anillo (r) del cromosoma 21 y b) un cromosoma marcador pequeño de origen desconocido (min). En ambos padres el cariotipo fue normal. Se realizó hibridación genómica comparativa (CGH) e hibridación *in situ* con fluorescencia (FISH) utilizando sondas  $\alpha$ -satélite 13/21, tinción completa del cromosoma 21 y de secuencia única para la región 21q22.13-q22.2. Con las tres metodologías fue posible caracterizar el cromosoma marcador como un cromosoma 14 y delinear los puntos de ruptura del anillo del cromosoma 21. El paciente presenta 5 líneas celulares: a) una normal b) una con trisomía parcial del cromosoma 14 c) una con trisomía del cromosoma 21 d) una con trisomía de los cromosomas 14 y 21 e) otra con tetrasomía del cromosoma 14. Este trabajo es un ejemplo de la utilidad de las metodologías de FISH y CGH en la caracterización e identificación de cromosomas marcadores de origen desconocido por medio de la citogenética convencional y permite realizar un diagnóstico de certeza que facilita el asesoramiento genético del paciente.



## **LipR REGULA LA EXPRESION DEL GEN *lipA* DE LA LIPASA EXTRACELULAR DE *Streptomyces exfoliatus*.**

Evangelista Martínez Z., Servín González L.

Departamento de Biología Molecular y Biotecnología, IIB\*. UNAM. Apdo. postal 70228, 04510 México, D. F. Tel. 56223817, Fax 56223855.  
zahaed@yahoo.com

El gen *lipA* de la lipasa extracelular de *Streptomyces exfoliatus* es regulado por el activador transcripcional LipR. Poco se sabe acerca de la forma en que LipR actúa para activar la transcripción. A pesar de que ha sido difícil lograr purificar al activador en condiciones nativas o formas truncadas de la proteína que no hayan perdido su capacidad de unirse al DNA, en orden de estudiar el papel de un elemento invertido repetido de 40 pb localizado a 55.5 nt hacia arriba del sitio de inicio de la transcripción de *lipA*. Deleciones que remueven todo el DNA hacia arriba del invertido repetido no tuvo efecto sobre la expresión de la lipasa, pero disminuyó aproximadamente tres veces cuando sólo la mitad proximal al +1 estaba presente. En presencia únicamente de la mitad de la repetición distal al +1, la expresión de la lipasa no se indujo, lo que indica que LipR puede activar la transcripción sólo cuando la repetición proximal está presente; experimentos de protección contra la nucleasa S1 de los transcritos de *lipA* confirmaron estos resultados. El análisis de la secuencia de promotores *lipA* homologos de *S. albus* y *S. coelicolor* (cuya expresión también es dependiente de sus LipR respectivos) permite identificar una secuencia consenso de unión del activador LipR (CCGG/CN<sub>5</sub>G/CGCC). Con estos resultados se determinó que la secuencia invertida repetida es el sitio de unión del activador transcripcional LipR, que puede activar la transcripción del promotor con una sola repetición a diferencia de lo que sucede con otros activadores de la misma familia como LuxR, GerE, UhpA. Estos resultados aunados a la estructura del promotor y a la posición de la secuencia invertida, son evidencia de que LipR forma parte del grupo de activadores transcripcionales tipo ambidiestro que le confiere la característica de interactuar directamente con diferentes subunidades de la RNAP.

Becario CONACYT 138467 Apoyo PAEP 203307

## **LA RESISTENCIA A LA SEQUÍA DE *Drosophila melanogaster* Y *D. simulans* PROVENIENTES DE LA CENTRAL NUCLEOELÉCTRICA LAGUNA VERDE**

Pimentel A Emilio, Cruces M Patricia y Salceda Víctor M

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. Departamento de Biología [acpp@nuclear.inin.mx](mailto:acpp@nuclear.inin.mx)

El desarrollo para el bienestar de las sociedades modernas, depende en gran magnitud de la contribución de las tecnologías y los procesos industriales tales como la producción de electricidad a partir del uso de material radioactivo. En general, este proceso esta asociado con la generación inevitable de desechos, algunos de los cuales tienen un impacto potencial sobre la biosfera. El presente trabajo tiene como fin evaluar algún posible impacto de la Central Nucleoeléctrica Laguna Verde utilizando como indicadores biológicos a poblaciones naturales que habitan en las inmediaciones de la planta nuclear. Para tal efecto, se hizo un estudio a largo plazo que incluyó el análisis de la resistencia a la sequía de dos especies hermanas: *Drosophila melanogaster* y *D. simulans*. Se realizaron dos colectas anuales durante un período de siete años, una en temporada de secas y otra en la de lluvias. Los organismos se colectaron en dos sitios, uno cercano y el otro alejado de los reactores durante su fase operacional. El estudio se hizo con la descendencia de cada hembra capturada y fecundada en la naturaleza o aislada. La F3 de cada una de ellas se sometió a estrés de agua durante 12 h en desecadores que contenían Ca(SO)<sub>4</sub>. Cada 4 h se contó el número de organismos vivos. Los datos obtenidos indicaron que en ambos sitios *D. melanogaster* es más resistente a la sequía que *D. simulans*. No se encontraron diferencias en la resistencia a la sequía entre la etapa operacional y la preoperacional que fue analizada con anterioridad. Estos resultados son congruentes con la viabilidad huevo-adulto reportados recientemente. La comparación de los datos de los dos sitios monitoreados con la prueba de MANOVA, indicó que son diferentes (p= 0.0001). El reporte radiológico de la Comisión de Seguridad Nuclear y Salvaguardias, indicaron que las emisiones radioactivas de los reactores están dentro de los límites permisibles. Se concluye que ésta divergencia se debe principalmente a la distinta vegetación y humedad de ambos sitios.

## **EVALUACIÓN DEL DAÑO GENÉTICO PRODUCIDO POR RADIACIÓN IONIZANTE DE DIFERENTE LET EN *Escherichia coli***

Aguilar M<sup>1</sup>, Serment J, Breña M<sup>1</sup>, Tavera L<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. <sup>2</sup>Instituto Mexicano del Petróleo. [mbv@nuclear.inin.mx](mailto:mbv@nuclear.inin.mx)

La radiación ionizante produce lesiones en el ADN que pueden clasificarse como sencillas o complejas de acuerdo a la facilidad con que puedan ser eliminadas. La proporción de estas lesiones varía de acuerdo a la capacidad de ionización de aquella. Un parámetro para evaluar dicha capacidad es la transferencia lineal de energía (LET), definida como el promedio de energía cedida por unidad de distancia recorrida. El LET de las radiaciones corpusculares es mucho más alto que el de la electromagnética, por lo que produce mayor cantidad de ionizaciones dentro de una zona restringida, aumentando así la probabilidad de que se generen lesiones complejas entre ellas rupturas en la doble banda de ADN (RDB). Este tipo de daño es importante ya que es el responsable de la muerte celular. Dentro de las estrategias que tiene *E. coli* para sobreponerse al daño genético está la respuesta SOS, un grupo de genes que participan en reparación y tolerancia y cuyo objetivo final es conferir a mayores oportunidades de sobrevivir. Estos genes están reprimidos y al parecer sólo se expresan cuando hay lesiones en el genoma. Sin embargo para que se active el sistema es necesario que se interrumpa la síntesis de ADN y se generen regiones de una banda. Por ello las RDBs no son capaces de inducir dicha respuesta a menos que se lleve a cabo un procesamiento previo. Anteriormente se observó que en cepas con defectos en genes de reparación de rupturas dobles, la actividad SOS era menor que en la cepa silvestre. El objetivo de este trabajo es evaluar la proporción de lesiones complejas en función del LET en *E. coli* de acuerdo a dos parámetros la supervivencia y la inducción del sistema SOS. Los resultados en bacterias tratadas con radiación ionizante de diferente energía, hasta el momento muestran que a medida que aumenta el LET disminuye la supervivencia lo que indica mayor producción de RDBs. Sin embargo a pesar de haber más daño en el ADN, la actividad de SOS disminuye lo cual confirma que este sistema no es la mejor alternativa para eliminar lesiones complejas.

## **REPARACIÓN DE RUPTURAS DOBLES EN ADN DE MUTANTES DE *Escherichia coli***

García López G, Breña Valle M y Serment Guerrero J

Laboratorio de Genética Microbiana, Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. [mbv@nuclear.inin.mx](mailto:mbv@nuclear.inin.mx)

La radiación ionizante produce una amplia gama de lesiones en el ADN, dentro de las que están las rupturas de doble banda (RDB). Estas lesiones son importantes porque de no repararse provocan muerte celular. En *Escherichia coli*, se eliminan en su mayoría por recombinación homóloga, aunque puede haber otros mecanismos alternativos. Entre ellos está la respuesta SOS, un grupo de 60 genes aproximadamente, que sólo se activan cuando hay lesiones en el material genético. Se pensaba que cualquier tipo de lesión genética activaba a SOS sin embargo se ha visto que las (RDB) no parecen ser inductoras directas sino que requieren de un procesamiento previo. En el presente trabajo se examina esta posibilidad así como la eficiencia para reparar este tipo de daño en dos cepas con recombinación homóloga normal o deficiente. Los resultados muestran como se esperaba, que la cepa defectuosa en recombinación es incapaz de reparar una fracción importante de las RDB. Además al comparar esto con datos previos se nota que a pesar de haber inducción inicial del sistema SOS, el daño que en la cepa defectuosa en recombinación permanece sin reparar, es al parecer insuficiente para que continúe la actividad SOS.

Se contó con apoyo de CONACyT, Proyecto 33166-N

## CARACTERIZACIÓN DE GERMOPLASMA DE *Chenopodium*, SELECCIÓN DE POSIBLES MUTANTES Y SU ESTUDIO CITOGENÉTICO.

De la Cruz Torres Eulogio<sup>1</sup>, Rublío Islas Abraham<sup>2</sup>, Palomino Hasbach Guadalupe<sup>2</sup> y García Andrade Juan Manuel<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, ect@nuclear.inin.mx

<sup>2</sup>Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. hasbach@servidor.unam.mx

*Chenopodium quinoa* Willd (quinua), cultivo básico para la zona andina y *C. berlandieri* subespecie *nuttalliae*, cuyas razas locales huauzontle y chíja roja han sido una fuente de proteínas para las culturas mesoamericanas, constituyen seudocereales de alternativa para las regiones marginales de México, por su rusticidad y valor nutritivo, sin embargo la quinua posee saponinas, por lo que debe mejorarse para reducir este metabolito. El objetivo del presente trabajo es la caracterización morfológica, de productividad y citogenética, de germoplasma de *Chenopodium*. Se estudiaron 42 líneas de quinua, incluyendo mutantes, así como dos colectas de "chíja roja", realizando análisis multivariado a los datos obtenidos. El rendimiento se evaluó en los ciclos 2002 y 2003 en la Facultad de Ciencias Agrícolas de la UAEM. Los estudios de cariotipo se realizaron en ápices radiculares y los de contenido de ADN en hojas jóvenes mediante citometría de flujo. Los resultados mostraron que los materiales estudiados se agrupan en siete conglomerados, los caracteres que contribuyen con mayor variabilidad son: altura de planta, longitud y diámetro de la panícula, diámetro del tallo, número de ramas, número de entrenudos y rendimiento. Las líneas mutantes 25 R3-19, 20 R3-47 20 R3-54 exhibieron rendimiento superior a 1.5 ton/ha y contenido de saponinas (estimadas mediante método afrosimétrico) menor a 0.3%. Los estudios citológicos, mostraron que el complemento cromosómico de la quinua var. Barandales es  $2n=4x=36$ ,  $X=9$ , con una longitud de cromosomas entre 1.26-2.05  $\mu\text{m}$ , una longitud total de cromatina de  $57.24 \pm 0.21 \mu\text{m}$  y un índice de asimetría  $TF\% = 44.86$ . El contenido de ADN es  $2C = 2.96 \pm 0.01668$  pg, y el tamaño de genoma (1C) es 1413 Mpb. La mutagénesis radioinducida ha permitido generar líneas con altos rendimientos y bajo contenido de saponinas, así como otras de alto rendimiento y alto contenido de saponinas, por otra parte los estudios citogenéticos permiten establecer gran afinidad entre la quinua y la chíja roja, variedad local que no posee saponinas, por lo que es factible realizar hibridaciones interespecíficas para generar individuos deseables. Se concluye que se han tenido avances significativos en la caracterización y mejoramiento de seudocereales orientada hacia la generación de mejores variedades. Se contó con ayuda de CONACYT, Proyecto 33285-B

## SESIÓN V. PRESENTACIONES ORALES

### INCREMENTO EN LA EFICIENCIA DE LA RECOMBINACIÓN HOMÓLOGA COMPLETA EN CÉLULAS TRONCO EMBRIONARIAS DE RATÓN

Robles E<sup>1</sup>, Vázquez C<sup>1</sup>, López C<sup>2</sup>, Martínez S<sup>1</sup> y Cajero M<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Salud Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia- Universidad Autónoma del Estado de México. Km 15.5 carretera Toluca- Atlacomulco. [frobes@terra.com](mailto:frobes@terra.com) [jvcv@uaeme.mx](mailto:jvcv@uaeme.mx) <sup>2</sup>Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional. Reynosa, Tamaulipas. <sup>3</sup>Centro Multidisciplinario de Estudios en Biotecnología, Escuela de Medicina Veterinaria y Zootecnia- Universidad Michoacana de San Nicolás Hidalgo. Km 9.5 carretera Morelia-Zinapécuaro.

La mutagénesis dirigida ofrece la posibilidad de modificar de manera específica el alelo de un gen, lo cual abre grandes expectativas en la terapia génica, al poder eliminar del genoma al material indeseable. Existen 2 maneras de realizar mutación dirigida: a) introducir un gen de selección para producir knock out de una secuencia, y b) producir una mutación puntual. Cuando se utiliza la segunda opción, se ha observado que puede no incorporarse completamente el transgen, originando recombinación homóloga incompleta (RHI) lo que hace menos eficiente el proceso. Se han postulado 2 explicaciones para la RHI: 1) que uno de los entrecruzamientos ocurra dentro de la región de homología y 2) que haya acción exonucleolítica de los extremos del transgen. El objetivo de este proyecto fue determinar si la RHI se debe a la degradación exonucleolítica del transgen. Se diseñaron 2 vectores tipo reemplazo para el gen WAP, uno es el plásmido base protegiendo a la mutación más cercana al sitio de linearización (pFC3M), y el otro en el extremo opuesto del transgen (pFC3). Se transfectaron 25  $\mu\text{g}$  de los vectores linearizados a células troncales embrionarias de ratón. Se seleccionaron las células con 200  $\mu\text{g}/\text{ml}$  de G418 durante 12 días y de 100 colonias de cada vector se extrajo el ADN genómico y se amplificó la región WAP por PCR. El amplificado se trató con la enzima EcoRI que cuando hay recombinación homóloga completa (RHC) origina un patrón de tres bandas. En cambio si ocurre RHI sólo se obtendrá sólo una banda. Se obtuvieron 335 colonias G418 resistentes para el vector pFC3 y 379 para el vector pFC3M y una frecuencia de RHC de 0.07 y 0.12 respectivamente, lo que significa un incremento del 71.42 % en la eficiencia. Cuando se protege el extremo de ADN que lleva la mutación no selectiva, hay mayor eficiencia de RHC, probablemente debido a que la acción exonucleolítica tarda más tiempo en afectar la secuencia de homología lo que permite que el entrecruzamiento ocurra con la región de homología intacta.

## ANEUPLOIDIAS EN LINFOCITOS DE PACIENTES CON ENFERMEDAD DE HODGKIN TRATADOS CON QUIMIOTERAPIA MOPP (MOSTAZA NITROGENADA, ONCOVIN, PROCARBAZINA Y PREDNISONA).

Salas C<sup>1</sup>, Molina B<sup>1</sup>, Niembro A<sup>2</sup>, Rivera-Luna R<sup>2</sup>, Carnevale A<sup>3</sup>, Frías, S<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Depto de Investigación en Genética Humana, <sup>2</sup>Subdirección de Hemato-Oncología, <sup>3</sup>Dirección de Investigación. Instituto Nacional de Pediatría, SS, México.

**ANTECEDENTES.** Los pacientes con enfermedad de Hodgkin son tratados frecuentemente con agentes quimioterapéuticos como: MOPP (mostaza nitrogenada, oncovin, procarbazona y prednisona), una variante denominada COPP con ciclofosfamida en lugar de la mostaza nitrogenada; ABVD( adriamicina, bleomicina, vinblastina y dacarbazina), una combinación de estos agentes, así como radioterapia en algunos casos. Con el uso de estos agentes, el porcentaje de supervivencia a 10 años después del tratamiento es de más del 80% (1,3). Estas drogas provocan rupturas en el DNA y son inductores de alteraciones cromosómicas y mutaciones. Cuando se utilizan estos esquemas, la terapia no es específica para las células tumorales, también las células normales se ven afectadas, En México no existen reportes de las consecuencias genotóxicas que puedan tener estos tratamientos en la población expuesta. **OBJETIVO.** Determinar si el tratamiento MOPP/ABVP, genera a largo plazo alteraciones cromosómicas numéricas en linfocitos de sangre periférica de sobrevivientes con enfermedad de Hodgkin. **Metodología.** Población de estudio: Se estudiaron 5 individuos normales, 10 supervivientes a EH tratados con quimioterapia MOPP/AVBP y 1 individuo sin tratamiento. Se realizaron cultivos de linfocitos de 48hs, se obtuvieron metafases y bandas GTG. Las laminillas fueron codificadas y se analizaron 1000 metafases por cada individuo. El análisis cromosómico se realizó en 15 metafases y en cada célula que presentara aneuploidía para identificar la alteración. El cariotipo tanto de los sujetos sanos como de los pacientes fue normal, sin alteraciones constitucionales. **RESULTADOS.** Las frecuencias de aneuploidías fueron 3.4% para los pacientes y 2.8% para los sujetos normales, sin diferencia estadística. A pesar de que el estudio se diseñó para detectar alteraciones numéricas, al analizar las metafases se encontraron alteraciones estructurales en 7/10 pacientes y en 1/5 sujetos normales. **DISCUSIÓN.** Estos datos indican que el tratamiento aunque contiene agentes aneugénicos, no incrementa a largo plazo la frecuencia de hipodiploidías, pero sí la frecuencia de hiperdiploidías; lo mismo sucede con las alteraciones estructurales donde 8/15 pacientes analizados las presentan.

Trabajo financiado por CONACYT, 32557-M.

## VARIACIÓN ALOENZIMÁTICA EN POBLACIONES DEL CAMARÓN CAFÉ *Farfantepenaeus californiensis*, DEL PACÍFICO MEXICANO

Barbosa Saldaña María de Lourdes, Díaz Jaimes Píndaro y Uribe Alcocer Manuel

Laboratorio de Genética de Organismos Acuáticos, Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, Universidad Nacional Autónoma de México.

Apdo. Postal 70-305, México DF, 04510, México. [bsml@minervaux2.ciencias.unam.mx](mailto:bsml@minervaux2.ciencias.unam.mx)

La pesquería del camarón es una de las de mayor importancia en México, ya que las especies que se capturan en el Pacífico mexicano aportan el 62% del volumen total de captura y de éstas el 50% es aportado por el camarón café (*Farfantepenaeus californiensis*). La carencia de programas de administración pesquera junto con el incremento en el esfuerzo de captura han impactado al recurso severamente, lo que se ha traducido en una notoria disminución de su abundancia. Con el fin de analizar la presencia de estructura genética poblacional que permita definir estrategias adecuadas de administración pesquera a través de la delimitación de unidades de pesca independientes con base en criterios genéticos, fueron evaluados los niveles de variación genética y su distribución espacial, mediante la separación electroforética de isoenzimas en tres poblaciones del camarón café del Pacífico Mexicano. De 19 loci analizados, se detectó polimorfismo en siete de éstos (bajo un criterio del 95% de frecuencia del alelo más común), que resultaron en una estimación de heterocigosidad media observada de 0.0928, coincidente con estimaciones en otras especies. Se encontró diferenciación genética significativa tanto de los análisis de homogeneidad de frecuencias alélicas ( $P < 0.002$ ), como de la estimación del estadístico  $q$  de subdivisión poblacional de Weir y Cockerham ( $P = 0.001$ ), indicando la presencia de divergencia poblacional. No obstante que la diferenciación genética de las poblaciones se relaciona con su separación geográfica, el análisis del ajuste al modelo de aislamiento por distancia no mostró correlación significativa entre las estimaciones de flujo genético y la distancia de separación de las localidades analizadas ( $P = 0.5$ ). El patrón de divergencia observado parece estar relacionado con los patrones de corrientes en el Pacífico oriental mexicano y la restringida presencia de estuarios en esta zona, que limita la dispersión de las larvas mediado por las corrientes, al igual que su distribución en el Pacífico central mexicano por la carencia de sitios de crianza de larvas donde pueda ser completado su ciclo de vida.

## EFFECTO PROMUTAGÉNICO DE DIFERENTES HERBICIDAS EN CULTIVO DE LINFOCITOS HUMANOS

Gómez Arroyo S<sup>1</sup>, Calderón Segura ME<sup>1</sup>, Gómez de la Cruz L<sup>1</sup>, Luna JJ<sup>1</sup>, Villalobos Pietrini R<sup>2</sup>, Flores Márquez, AR<sup>2</sup> y Martínez Valenzuela C<sup>3</sup>  
<sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética Ambiental, <sup>2</sup>Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM, Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510 DF [slga@atmosfera.unam.mx](mailto:slga@atmosfera.unam.mx), <sup>3</sup>Departamento de Ciencias Básicas, Universidad de Occidente, Unidad Los Mochis, Sinaloa. Gabriel Leyva 169 Sur Col Centro 81257, Los Mochis, Sin.

Actualmente se conoce que algunos plaguicidas provocan efectos directos sobre el DNA y otros requieren de biotransformaciones metabólicas por sistemas enzimáticos animal y/o vegetal para producir genotoxicidad, a estos compuestos químicos se les conoce como promutágenos o mutágenos indirectos. Son pocos los estudios que a nivel genotóxico se han llevado a cabo sobre herbicidas triazínicos y carbámicos. En este trabajo se evaluaron los daños genotóxico y citotóxico provocados por ametrina y metribuzina, que pertenecen al primer grupo, y eptam y asulam al segundo, sin y con activación metabólica de la mezcla S10 (metabolismo vegetal in vitro) en cultivo de linfocitos humanos, mediante el análisis de ICH y de la cinética de proliferación celular y de los índices mitótico y de replicación. Se aplicaron en forma directa diferentes concentraciones de cada uno de los herbicidas a las 48 h de iniciado el cultivo de linfocitos humanos durante 4 h a 37 oC. Además estas mismas concentraciones de cada plaguicida se coincubaron con la mezcla enzimática S10 de la raíz de Vicia faba en condiciones similares a las anteriores. En los tratamientos directos a los cultivos de linfocitos con las diversas concentraciones de los cuatro herbicidas, se observó que ninguno incrementó la frecuencia de ICH, pero cuando se coincubaron en presencia de la mezcla S10 de V. faba se notó aumento significativo. Los valores obtenidos tanto con el testigo negativo como con el testigo positivo (etanol + la mezcla S10), estuvieron dentro de lo esperado. Estos herbicidas mostraron ser citotóxicos tanto en exposición directa como indirecta (biotransformados), ya que provocaron la muerte celular. Asimismo se observaron alteraciones en la cinética de replicación celular y en el índice mitótico. Se concluye que los herbicidas triazínicos metribuzina y ametrina y los carbámicos eptan y asulam son mutágenos indirectos ya que se activan a través del metabolismo vegetal. El hecho de que estos metabolitos sean almacenados en vegetales puede representar también un peligro potencial para la salud humana y animal.

## MUERTE CELULAR INDUCIDA POR SEIS CASIOPEINAS EN CELULAS HELA

Rodríguez Aguilera E<sup>1</sup>, Ruiz Azuara L<sup>2</sup>, Macías Rosales L<sup>3</sup>, Téllez Aztorga L<sup>1</sup>, Cortés Barberena E<sup>1</sup>, Ortiz Muñiz R<sup>1</sup>, Cortés Martínez L<sup>4</sup>, Gracia Mora I<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidad Autónoma Metropolitana -Iztapalapa, Facultad de Química, UNAM <sup>3</sup>Facultad de Química, Unidad de Experimentación Animal, UNAM. <sup>4</sup>CINVESTAV México. Trabajo Apoyado por: CONACyT Proyecto Sectorial Salud C01-7677 [ernesto@xanum.uam.mx](mailto:ernesto@xanum.uam.mx)

**INTRODUCCIÓN:** Las Casiopeínas son moléculas con propiedades antineoplásicas, que contienen cobre como centro metálico lo que permite disminuir problemas de toxicidad y pueden ligarse a moléculas biológicas. El objetivo del presente estudio es determinar por medio de citometría de flujo el incremento de la tasa de apoptosis y de necrosis en células HeLa tratadas con diferentes Casiopeínas. **METODOLOGÍA:** Células HeLa fueron proliferadas y tratadas con las Casiopeínas Igly, IIgly, IIIHa, III-Ia, III 5NO<sub>2</sub> y III5,6 dimfen a una concentración de 1.6 x 10<sup>-5</sup> M por 24 horas. Como testigo positivo se utilizó CDDP a la misma concentración y tiempo. Posteriormente se analizó el porcentaje de muerte celular en el citómetro de flujo. **RESULTADOS:** En lo general, las células de HeLa al ser tratadas con las diferentes Casiopeínas, incrementaron el porcentaje de muerte celular. En lo particular, las células tratadas con las Casiopeínas Igly y IIgly, comparadas contra el testigo negativo, mostraron un incremento significativo en la tasa de apoptosis, mientras que en necrosis no hubo una diferencia significativa. Las tratadas con la Casiopeína III-Ha, contra el testigo negativo no presentaron una diferencia significativa en el incremento de muerte celular ni por apoptosis ni por necrosis. Cuando se utilizó la Casiopeína III-Ia, se presentó una diferencia significativa en el porcentaje de muerte celular tanto por apoptosis como por Necrosis. Con la Casiopeína 5NO<sub>2</sub>, comparada contra el testigo negativo no se mostró una diferencia significativa en el incremento de apoptosis ni de necrosis y con la Casiopeína 5,6dimfen en comparación contra el testigo negativo se mostró la mayor diferencia significativa tanto en apoptosis como en necrosis. **DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES:** El tratamiento con las Casiopeínas Igly, IIgly, III-Ia y III-5,6dimfen incrementa significativamente la muerte celular por apoptosis. Las Casiopeínas III-Ha y III5NO<sub>2</sub> incrementan la muerte celular preferentemente por necrosis y en un menor grado por apoptosis.

## **ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL EN EL CALAMAR GIGANTE (*Dosidicus gigas*) INFERIDA MEDIANTE DNA MITOCONDRIAL**

Sandoval Castellanos E, Uribe Alcocer M y Díaz Jaimes P

Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, UNAM, [esc766@yahoo.com.mx](mailto:esc766@yahoo.com.mx) [uribe@mar.icmyl.unam.mx](mailto:uribe@mar.icmyl.unam.mx)

**INTRODUCCIÓN.** El calamar gigante, *Dosidicus gigas*, es una especie relevante en muchos aspectos, particularmente para las pesquerías que requieren predecir el volumen de producción de temporadas sucesivas. *Dosidicus gigas* presenta una enorme variación en sus poblaciones de un año a otro lo que motivó estudios de diversa índole pero hasta la fecha prácticamente ninguno de tipo genético poblacional. **Objetivos.** Determinar cuantas poblaciones o “stocks” existen en su área de distribución y obtener algunas estimaciones relevantes como la diversidad genética, la migración promedio y la divergencia entre poblaciones. **MÉTODOS** Se amplificaron por PCR (Polimerase Chain Reaction) fragmentos del citocromo b mitocondrial de organismos provenientes de cinco localidades del Pacífico Oriental. Dichos fragmentos fueron analizados mediante la técnica de Single Strand Conformation Polimorphisms (SSCP) que permitió detectar un gran número de haplotipos, mismos que fueron secuenciados para analizar la base de datos de secuencias. Se obtuvieron estimaciones de diversidad genética, diferenciación poblacional y flujo génico y se realizaron pruebas estadísticas para determinar la presencia de heterogeneidad entre las muestras, aislamiento por distancia y estructura poblacional entre otras. **Resultados** Se detectó diversidad genética elevada y divergencia genética significativa aunque con valores moderados. Se determinó un patrón definido de estructura genética que divide el muestreo en dos grupos: las muestras de aguas mexicanas y las del Mar de Perú. Se determinó que el tiempo de divergencia es relativamente corto y que el flujo génico entre ambas regiones es restringido. Dicho patrón presenta un ligero pero significativo ajuste al modelo de aislamiento por distancia. **DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES.** Se considera que la variabilidad genética elevada es consecuencia de la abundancia histórica de la especie. Asimismo la divergencia poblacional puede tener como factor importante a la distancia pero debe estar afectada por otros elementos probablemente más relevantes como son los ciclos reproductivos y alimenticios, las corrientes marinas y el desfase de estaciones entre hemisferios (al sur y al norte del ecuador.) Adicionalmente se considera que las poblaciones han divergido a partir de la última glaciación cuando el clima empujó a las poblaciones sureñas y norteñas hacia el ecuador favoreciendo el flujo génico

## **SESIÓN VI. PRESENTACIONES ORALES**

### **DETECCION DE ANEUPLOIDIAS EN ESPERMATOZOIDES DE PACIENTES CON ENFERMEDAD DE HODGKIN TRATADOS CON QUIMIOTERAPIA MOPP.**

<sup>1</sup>Frías S, <sup>1</sup>Sánchez S, <sup>1</sup>Molina B, <sup>2</sup>Niembro A, <sup>3</sup>Rivera Luna R, <sup>4</sup>Carnevale A

Laboratorio de Citogenética, <sup>2</sup>Subdir. Hemato-Oncología, <sup>3</sup>Dir. de Investigación, Instituto Nacional de Pediatría. [sarafrias@yahoo.com](mailto:sarafrias@yahoo.com)

**INTRODUCCIÓN.** La terapia anticáncer para la enfermedad de Hodgkin (EH) contempla la aplicación de radioterapia y quimioterapia, con varios regímenes como MOPP (mercloreptamina, vincristina, procarbazona y prednisona) solo o combinado. El MOPP se ha considerado como uno de los más efectivos para la EH; sin embargo, en células somáticas se sabe que estos agentes son mutagénicos, aneuploidógenos y clastógenos, de manera que los supervivientes tienen células germinales expuestas a éstos y con posible daño genotóxico que puede dar lugar a alteraciones en la reproducción. **OBJETIVOS.** Evaluar el efecto de la QT sobre la frecuencia de aneuploidías en espermatozoides de pacientes tratados con MOPP antes o después de la pubertad. **METODOLOGÍA.** Se incluyeron todos los pacientes masculinos de la clínica de sobrevivientes de EH del INP cuyo tratamiento incluyera MOPP y 6 voluntarios sanos =18 años. Todos firmaron carta de consentimiento informado. Se obtuvo muestra de semen de 19 pacientes después de 719 años de haber recibido el MOPP y de 6 individuos sanos. A todos se les realizó espermatobioscopia y para el estudio citogenético, se incluyeron los individuos sanos y 8 pacientes no azoospermicos cuya celularidad permitía el estudio de hibridación in situ con fluorescencia (FISH). Se detectaron aneuploidías mediante FISH, con sondas de DNA CEPX, CEPY, CEP18 y LSI21. Las laminillas se codificaron y se analizaron 10,000 espermatozoides por individuo, con microscopio de fluorescencia con filtros de triple-banda y sencillos. Las frecuencias de aneuploidías se compararon mediante Kruskal-Wallis y U de Mann Whitney. **RESULTADOS.** El estudio de FISH mostró una elevación en la frecuencia de alteraciones cromosómicas en el grupo de pacientes EH que se trataron después de la pubertad: aneuploidías: 77.8 vs 43.6 en normales ( $p < 0.05$ ), principalmente a expensas de las disomías tipo meiosis I de los cromosomas sexuales y de alteraciones complejas. El grupo tratado antes de la pubertad no presentó diferencias significativas, comparado con el normal. **CONCLUSIONES.** La QT que incluye MOPP es capaz de dañar las células madre gonadales, ya que 719 años después del tratamiento se encuentran alteraciones principalmente en el grupo tratado después de la pubertad.

Proyecto financiado por CONACYT No. 32557-M.

## DAÑOS MOLECULARES EN EL DNA DE CAMARONES (*Litopenaeus vannamei*) CAUSADOS POR HIDROCARBUROS POLICÍCLICOS AROMÁTICOS (PIRENO Y FLOURENO) Y EL PLAGUICIDA LINDANO.

Galindo Reyes JG<sup>1</sup>, Mora Donjuán CA<sup>2</sup>, Carvajal R

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Autónoma de Sinaloa; <sup>2</sup>Unidad Académica de Ciencias Químico-Biológicas, UAG.

Los hidrocarburos policíclicos aromáticos (HPAs) se forman como consecuencia de la combustión incompleta de la materia orgánica y de combustibles fósiles. El lindano (gama-hexaclorociclohexano) es un insecticida organoclorado utilizado para combatir plagas agrícolas, en tratamiento para semillas, en baños garrapaticidas y para combatir la pediculosis y la sarna en humanos. Diversos estudios reportan a estos xenobióticos como posibles carcinógenos y/o sustancias capaces de producir daños genéticos. El presente trabajo investigó las posibles alteraciones en la molécula del DNA de camarones (*Litopenaeus vannamei*) expuestos a estos contaminantes. Lotes de camarones se expusieron a los HPAs, floureno y pireno, y al plaguicida lindano durante dos semanas en peceras a temperatura de 26 a 28°C, salinidad de 35 ppm, aireación constante y se alimentaron con alimento comercial. Al término del periodo se sacrificaron los organismos, se disectó los pleópodos y se procedió a la extracción del DNA por el método del fenol-cloroformo. La cantidad de DNA se cuantificó por espectrofotometría con DNA de esperma de salmón como estándar. Los extractos se procesaron por el método del desdoblamiento alcalino para saber si la molécula presentaba rupturas y/o aductos y se analizaron por cromatografía de líquidos de alta resolución (HPLC). La cantidad de DNA de los camarones expuestos a 0.250 mg/l de floureno o de pireno y 0.000450 mg/l de lindano fue mayor que en los controles. Además se presentan dos picos, lo cual indica presencia de aductos en la molécula del DNA y/o fragmentos de la misma. Esto sugiere que a las concentraciones señaladas, el floureno, pireno y lindano están causando alteraciones en la molécula del DNA, lo cual podría dar como resultado la formación de células anormales durante el proceso de duplicación de estas y consecuentemente un daño genético o la aparición de un tumor formado por células anormales. Esto concuerda con que la cantidad de DNA obtenida de los organismos expuestos a estos xenobióticos fue mayor que en los controles, lo que sugiere un crecimiento celular anormal. Otros autores reportan resultados similares en peces, y otros organismos acuáticos expuestos a HPAs y plaguicidas, como DDT, Aldrin, Endrin y otros.

## ANÁLISIS FILOGEOGRÁFICO DE *Dendroctonus mexicanus* HOPKINS (Coleoptera: Curculionidae:Scolytinae).

Anducho M<sup>1</sup>, Zúñiga G<sup>1</sup>, Cognato IA<sup>2</sup> y Hayes LJ<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Lab. de Variación Biológica y Evolución, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas-IPN. Prol. De Carpio y Plan de Ayala s/n, Col. Santo Tomas, C.P. 11340, México D. F., México (e-mail: [anducho@hotmail.com](mailto:anducho@hotmail.com)) <sup>2</sup>Department of Entomology, Texas A&M University, Collage Station, TX 77843-2475. <sup>3</sup>USDA Forest Service, Pacific Northwest Research Station, Forest ry and Range Science Laboratory, 1401 Gekeler Lane, La Grande, OR 97850.

Los estudios de estructura genética poblacional (EGP) realizados con especies del género *Dendroctonus* han asumido que el aislamiento geográfico o el uso preferencial de huéspedes, son factores determinantes en la diferenciación genética de sus poblaciones. En estos estudios no ha sido posible separar el efecto real que tienen el aislamiento geográfico y el huésped en dicha diferenciación. La filogeografía intenta encontrar los patrones y procesos que gobiernan la distribución geográfica de linajes genealógicos de especies. *Dendroctonus mexicanus* es una especie de origen reciente, endémica, generalista, que presenta una amplia distribución geográfica en México. En este estudio se determina la relación genealógica de las poblaciones de *D. mexicanus*, mediante el análisis de un fragmento del gen de la citocromo oxidasa I del DNA mitocondrial (mtCOI). Se amplificaron y secuenciaron 123 fragmentos de 246 pb del mtCOI de 21 poblaciones geográficas. Se estimó la diversidad nucleotídica, haplotípica y se construyó una filogenia de haplotipos. La EGP se determinó por un análisis de varianza molecular (AMOVA), y la relación entre las  $\phi$ ST y las distancias geográficas pareadas (DGP). Finalmente, se realizó un análisis de clados anidados (ACA). La diversidad nucleotídica y haplotípica estimada fue de (0.0099±0.009934) y (h=0.35862) respectivamente. El AMOVA mostró que el 87 % de la variación genética está dentro de las poblaciones y el 12% es variación compartida entre ellas. El flujo génico fue > 1.0. La regresión entre  $\phi$ ST y las DGP mostró un modelo de panmixia. El ACA sugiere que el patrón filogeográfico de *D. mexicanus* puede ser explicado por un evento de dispersión continua, la relación entre los linajes de la Sierra Madre del Sur y el resto de las cordilleras del país por un evento de alopatría y la relación entre los linajes de la Sierra Madre Oriental y la Faja Volcánica Transversal por flujo génico restringido. En resumen, los resultados sugieren que la EGP de panmixia de *D. mexicanus* se debe a eventos recientes de dispersión desacoplados de la historia geológica de los sistemas montañosos, y la diferenciación entre las poblaciones de diferentes cordilleras a su aislamiento geográfico y no al huésped que parasita.

## TALIDOMIDA ¿MUTAGÉNICA?

Ramos Morales Patricia, Muñoz Hernández Adriana, Herrera Bazán José, Rivas Martínez Hugo, Hernández Bernal Blanca. Muñoz-Moya Armando, García Martínez Víctor  
Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias, UNAM, Circuito Exterior, C. P. 04510. Tel. 56224906, Fax. 56225194.  
[prn@hp.fciencias.unam.mx](mailto:prn@hp.fciencias.unam.mx)

La talidomida es una droga de uso restringido para humanos por su efecto teratogénico comprobado. Actualmente se utiliza en el tratamiento de epilepsias, lepra y por su efecto benéfico en la terapia del SIDA. La mutagenicidad de la talidomina se ha evaluado nuevamente utilizando diversos bioensayos, tanto *in vivo* como *in vitro*, sin embargo, no se encontraron evidencias de actividad mutagénica que pudieran relacionarse con su reconocida actividad sobre células en diferenciación, aunque se asume que ésta se asocia con la inducción de daño oxidativo. En trabajos previos, la talidomida ha mostrado inducir mutación y recombinación somáticas en células de las alas de moscas expuestas a bajas concentraciones. OBJETIVO: En este trabajo se determinó la capacidad de la talidomida para inducir mutaciones letales recesivas ligadas al sexo en *Drosophila*. METODOLOGÍA. El compuesto se administró por alimentación [0.000153-0.635 mM] a larvas de tipo silvestre. Una vez obtenidos los adultos, se seleccionaron machos (tratados) y se cruzaron con hembras vírgenes Basc/Basc (no tratadas), siguiendo un esquema de camadas 2 – 3 – 3 días, para evaluar el efecto en células premeióticas. Una vez obtenida la F<sub>1</sub> de la cruce inicial, se sembró de manera individual a cada una de las hembras (hijas) de los machos tratados. Se esperó a la emergencia de la F<sub>2</sub> y se revisó la progenie producida por cada una de ellas. Una progenie es normal si está formada por 4 fenotipos indicadores y se considera letal si carece de machos de tipo silvestre. Se comparó la frecuencia de mutaciones letales entre las series experimentales y testigo mediante las tablas de Kantenban-Bowman ( $\alpha = 0.05$ ). RESULTADOS Y DISCUSIÓN. Se obtuvo un incremento en la frecuencia de mutaciones letales en la concentración 0.00061 mM, la cual concuerda con los resultados obtenidos en la prueba de mutación somática en la versión de las alas, de la misma manera, la respuesta se reduce conforme se incrementa la concentración del compuesto, siendo ligeramente menor a la concentración más alta probada.

## CONFERENCIA MAGISTRAL

### APLICACIÓN DE LA GENÓMICA FUNCIONAL EN RATONES TRANSGÉNICOS PARA EL DESCUBRIMIENTO DE NUEVOS MEDICAMENTOS .

Ramiro Ramírez Solís.

Lexicon Genetics, Inc. The Woodlands, TX 77381, USA

El número de nuevos medicamentos generados por la industria farmacéutica es aproximadamente de 25 a 30 por año. De estos, los que ejercen sus acciones a través de mecanismos de acción nuevos es mucho menor, en el orden de 2 a 3 por año. La mayoría de los nuevos medicamentos son simplemente versiones nuevas de medicamentos existentes o diferentes compuestos químicos que actúan sobre la misma proteína blanco que medicamentos ya existentes en el mercado. Una limitación para la invención/descubrimiento de medicamentos con nuevos mecanismos de acción ha sido la poca abundancia de proteínas blanco conocidas que al ser moduladas químicamente produzcan un efecto fisiológico deseado, por ejemplo un efecto terapéutico. Esta limitación ha sido reducida con la descripción reciente del genoma humano, ya que el conocimiento de la secuencia genómica permite el descubrimiento de una gran cantidad de genes cuyos productos proteínicos son blancos potenciales para nuevos medicamentos. A pesar del gran avance que esto representa, la repentina disponibilidad de tantos blancos ha creado un nuevo problema: como elegir en que blancos invertir cuando hay tantos disponibles, y para cada uno de los cuales poseemos poca información con respecto al papel que juegan en el funcionamiento del organismo. Esto es particularmente importante en el contexto de la gran cantidad de recursos y el largo tiempo que se requieren para desarrollar un nuevo medicamento. La función de un gen/proteína puede ser definida a diferentes niveles, por ejemplo al nivel bioquímico, al nivel de biología celular, o al nivel del organismo completo. El conocimiento de la función en todos los niveles se complementa y el conocimiento en cada uno de los niveles frecuentemente acelera nuevos descubrimientos en otros niveles. Sin embargo, el nivel más directamente relevante con la enfermedad es el nivel del organismo completo. Por esta razón es muy importante descubrir la función de los genes al nivel del organismo para acelerar el descubrimiento de medicamentos con nuevos mecanismos de acción. La experimentación genética provee un alternativa acelerada, más económica, y suficientemente equivalente a la modulación química de blancos potenciales. Dado que esto no es posible en el ser humano, otra especie ha de ser seleccionada, y el ratón es una que posee muchas características que la hacen la mejor elección. Como especie de laboratorio, el ratón reúne muchas características biológicas que lo hacen ideal para experimentos de determinación de la función de los genes. Una de las metodologías que han permitido estudiar la función de los genes al nivel del organismo completo es la generación y análisis fenotípico de ratones



mutantes mediante el uso de técnicas de recombinación homóloga o de “trampas genéticas retrovirales” en células madre embrionarias (stem cells). Notablemente, en los casos conocidos, los resultados obtenidos en el ratón poseen una alta correlación con los efectos obtenidos por la administración de medicamentos en humanos. En esta presentación, mostraré los avances que hemos logrado para montar una plataforma robusta de producción de ratones mutantes y su análisis fenotípico. Describiré los varios métodos de análisis que aplicamos y la racionalidad detrás de cada uno. Por último, también mostraré algunos ejemplos del tipo de resultados con más posibilidades de acelerar el descubrimiento de nuevos medicamentos.

## SESIÓN III, PRESENTACIONES EN CARTEL

### MALFORMACIONES EN LA CONCHA DE ALMEJAS (*Argopecten ventricosus*) EXPUESTAS A METALES TÓXICOS.

Sobrino Figueroa A<sup>1</sup>, Cáceres Martínez C<sup>2</sup> y Rosas CR<sup>3</sup>

<sup>1</sup>UAM-Iztapalapa. Av. Sn. Rafael Atlixco #186 Col. Vicentina C.P. 09340 México D.F. e-mail [coco@xanum.uam.mx](mailto:coco@xanum.uam.mx) <sup>2</sup>UABCS, Unidad Pichilingue Carretera a Pichilingue Km 18. La Paz, BCS. <sup>3</sup>UAMI-Iztapalapa Apdo. Pos. 55- 534 C.P. 09340 México D.F.

Los metales cadmio (Cd), cromo (Cr) y plomo (Pb) son de los más abundantes en los sistemas costeros del Pacífico Mexicano. Debido a que no existen antecedentes acerca de los efectos de éstos compuestos sobre los juveniles de *Argopecten ventricosus*, siendo este organismo sumamente importante desde el punto de vista económico, en este estudio se realizó una evaluación del daño ocasionado por la exposición crónica a estos xenobióticos. Se realizaron bioensayos crónicos donde se expusieron a 90 juveniles de Almeja ( $3 \pm 0.5$  mm de altura) a la CL<sub>10</sub> (concentración letal 10) que corresponde a 79, 680 y 170 µg/L de Cd, Cr y Pb respectivamente, durante 180 días. Cada 16 días los organismos se midieron y se examinaron visualmente para detectar cambios en su forma. Los juveniles presentaron daños a partir de los primeros 32 días de exposición, como la pérdida de los cilios sensoriales (17 organismos). Posteriormente se observó una reducción en la tasa de crecimiento de 55% en los organismos tratados con Cd y Cr y del 40% para los expuestos a Pb. Además se detectaron malformaciones en las conchas de 6 organismos: cambios en la forma de los márgenes de la concha y formas abombadas anormales, lo que ocasionaba que las conchas no cerraran normalmente, y eran más susceptibles a fracturas. Se realizó una evaluación de la concentración de estos xenobióticos presentes en la concha, por medio de la técnica de absorción atómica y se observó que los organismos con deformaciones presentaron niveles de cadmio de 24 veces, cromo de 2.5 veces y plomo 3.3 veces, por arriba de los obtenidos en los testigos. Es posible que estos metales afecten los centros de síntesis de la concha ubicados en el manto de estos bivalvos.

### INFLUENCIA DE LA RADIACIÓN γ SOBRE LA CALLOGÉNESIS EN AGUACATERO (*Persea americana* Mill.)

Valdés Yohaina<sup>1</sup>, Fuentes Jorge L<sup>1</sup>, Santiago Livia<sup>1</sup> y Rodríguez Narciso N<sup>2</sup>

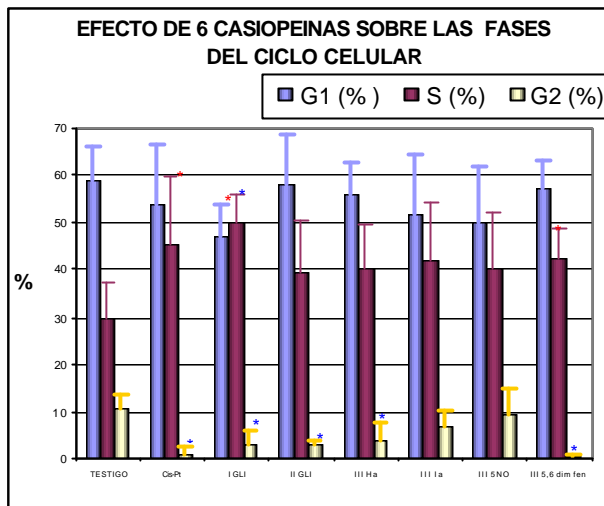
<sup>1</sup>Centro de Aplicaciones Tecnológicas y Desarrollo Nuclear (CEADEN). 5<sup>a</sup> y 30, # 502, Miramar, Playa, C. Habana, Cuba. <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones de Fruticultura Tropical (IICF) 7<sup>ma</sup> e/ 30 y 32, Miramar, Playa, C. Habana, Cuba. E-mail: [yohaina@ceaden.edu.cu](mailto:yohaina@ceaden.edu.cu)

La embriogénesis somática se ha desarrollado exitosamente en plantas herbáceas, sin embargo, se ha dificultado en especies leñosas. El presente trabajo tuvo como objetivo el establecimiento de un procedimiento para la inducción y el mantenimiento de callos, a partir de diferentes secciones de plantas germinadas *in vitro*, de embriones cigóticos. Así mismo se estableció una comparación entre la callogénesis de embriones cigóticos germinados irradiados y no irradiados. Se cultivaron explantes como raíces, tallos, hojas y embriones cigóticos de dos variedades de aguacatero (*Persea americana* Mill.): California y Duke, en medio MS. Se obtuvo una mayor frecuencia de inducción de callos para la variedad California. Para esta variedad los porcentajes de inducción de callos a partir de tallos, raíces, embriones cigóticos y hojas, fueron 57, 33, 12 y 9% respectivamente. Por el contrario, para la variedad Duke solo se obtuvieron callos a partir de embriones cigóticos (27%) y raíces (9%). Los callos obtenidos a partir de raíces y hojas de la variedad California tendieron a fenolizarse a partir de la cuarta semana. Los explantes de embriones de California irradiados indujeron un porcentaje de callos similar al del material no irradiado. El presente estudio indicó que la callogénesis dependió del genotipo. La utilización de una metodología *in vitro* para la obtención de callos permitió obtener un mayor porcentaje de los mismos en comparación con reportes previos. El éxito obtenido con esta metodología es atribuible en gran medida al conjunto de condiciones establecidas para el cultivo de callos *in vitro*, tales como las concentraciones de las sales del medio de nutrientes, así como el tipo y concentración de la hormona empleada con fines de inducir la callogénesis. Por otra parte, la mayoría de los explantes empleados mostraron propiedades callogénicas y en algunos casos esta capacidad se presentó exacerbada si se compara con reportes de la literatura revisada. Se corroboró la utilidad de la embriogénesis somática para el mejoramiento mediante inducción de mutaciones.

## ESTUDIO DEL CICLO CELULAR EN CELULAS HELA TRATADAS CON CASIOPEINAS

Rodríguez Aguilera E<sup>1</sup>, Ruiz Azuara L<sup>2</sup>, Macías Rosales L<sup>3</sup>, Téllez Aztorga L<sup>1</sup>, Cortés Barberena E<sup>1</sup>, Ortiz-Muñoz R<sup>1</sup>, Gracia-Mora I<sup>3</sup>  
<sup>1</sup>Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, <sup>2</sup>Facultad de Química, UNAM <sup>3</sup>Unidad de Experimentación Animal, Facultad de Química, UNAM. México. [ernesto@xanum.uam.mx](mailto:ernesto@xanum.uam.mx)

Las Casiopeínas son fármacos que inhiben el crecimiento de tumores cancerosos, actuando directamente sobre el ADN por lo que nuestro objetivo es establecer el efecto de las Casiopeínas Igly, IIgly, IIIHa, III-Ia, III5NO2 y III5,6dimfen sobre el ciclo celular, en células HeLa. Células HeLa fueron tratadas con las Casiopeínas a una concentración de  $8 \times 10^{-6} M$ , por 24 horas y como testigo se utilizó cisplatino (CDDP) a la misma concentración y tiempo. Posteriormente fueron analizadas cada una de las fases del ciclo celular por citometría de flujo. CDDP en comparación con el testigo negativo, presentó diferencia significativa en la fase S con una  $p < 0.005$  y en la fase G2 con una  $p < 0.001$ . Con la Casiopeína Igly hubo cambios significativos en las tres fases del ciclo celular, G1 con una  $p < 0.05$  y S y G2 con una  $p < 0.001$ . En las tratadas con las Casiopeínas IIgly y IIIHa no se observaron alteraciones significativas en las fases G1 y S ( $p > 0.05$ ), sin embargo en la fase G2 tanto la IIgly presentó diferencia significativa ( $p < 0.001$ ) como la III Ha ( $p < 0.01$ ). Las tratadas con las Casiopeínas III5NO2 y III-Ia no presentaron diferencias significativas contra el control negativo en ninguna de las fases ( $p > 0.05$ ). La Casiopeína III5,6dimfen tampoco ocasionó diferencias significativas en G1 ( $p > 0.05$ ), pero tanto en la fase S como en la G2 la diferencia fue significativa con una  $p < 0.05$  y  $p < 0.001$  respectivamente. Las células tratadas con la Casiopeína Igly presentaron la mayor alteración al compararlas con el testigo negativo ya que presenta diferencias significativas en las tres fases del ciclo, por lo que podemos considerarla como la más efectiva, aún que el CDDP.



Trabajo Apoyado por: CONACyT Proyecto Sectorial Salud C01 -7677

## UNA COMPARACIÓN DE LOS EFECTOS GENOTÓXICOS PRODUCIDOS POR VANADIO

Rodríguez Mercado JJ, Altamirano Lozano MA.

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN). FES-Zaragoza, UNAM, México, D.F. E-mail: [juserom@correo.unam.mx](mailto:juserom@correo.unam.mx) y [maal@servidor.unam.mx](mailto:maal@servidor.unam.mx)

El vanadio es un mutágeno y un probable carcinógeno para el hombre, sin embargo, la información de la especie química responsable de los efectos genotóxicos no es concluyente. Experimentos previos en el laboratorio con linfocitos humanos cultivados y tratados con vanadio (de 1 a 8  $\mu g/ml$ ), mostraron que el vanadio(IV) induce daño en la estructura cromosómica, mientras que tratamientos con vanadio(III) o vanadio(V) no. Por tal motivo, se decidió realizar un estudio para evaluar daño genético y comparar el comportamiento de tres óxidos del metal ( $V_2O_3$ ,  $V_2O_4$  y  $V_2O_5$ , estados de oxidación III, IV y V respectivamente). Con el modelo de leucocitos humanos de sangre periférica y la metodología de electroforesis unicelular en gel, con ciertas adaptaciones y en condiciones alcalinas o neutras ( $pH > 13$  o  $pH 9$ ), se determinó el tiempo que requiere cada sal de vanadio para producir un efecto positivo. El análisis de la versión alcalina, revela que las tres sales incrementan la longitud de la migración y el número de células dañadas, sin embargo, el vanadio(IV) en comparación al vanadio(III) o al vanadio(V) requiere 4 h de exposición contra 2 h, respectivamente. Del mismo modo, la cinética de reparación muestra que las células expuestas a vanadio(IV) tardan más en recuperarse de las lesiones inductoras de rompimientos en el DNA, pero cuando dejamos al DNA de las células libre de proteínas (ADN desnudo) y posteriormente lo tratamos con alguno de los tres compuestos, no se producen cambios estadísticos. Por otro lado, el análisis de la versión neutra, dio significativo solo para vanadio(IV). Los resultados muestran que cada forma química del metal produce lesiones de diferente orden, las cuales no son originadas por la interacción directa del metal con el material genético. Además, los cambios en la cinética de reparación y la inducción de rompimientos de cadena doble permiten explicar porque el vanadio(IV) es capaz de incrementar las aberraciones cromosómicas y los otros óxidos no.

Proyecto apoyado por PAPIIT-DGAPA, IN-206104

## IMPPLICACIÓN DE LOS CITOCROMOS P450 Y LA REPARACIÓN DEL DNA POR ESCISIÓN DE NUCLEÓTIDOS EN LA VIABILIDAD DE LAS LINEAS *flare*, *Oregon-flare* Y *mei<sup>9A</sup>41<sup>D5</sup>* DE *Drosophila melanogaster* EXPUESTAS A METILMETANOSULFONATO (MMS), URETANO Y 4-

### NITROQUINOLINE-1-OXIDO (4-NQO).

<sup>1</sup>Dueñas García Irma Elena, <sup>1</sup>Gómez Luna Juan Carlos, <sup>1</sup>Santos Cruz Luis Felipe, <sup>1</sup>Vega Contreras Viridiana, <sup>2</sup>Durán Díaz Ángel, <sup>1</sup>Castañeda Partida Laura y <sup>1,3</sup>Heres-Pulido Ma. Eugenia.

Lab. Genética Toxicológica, <sup>2</sup>Área de Matemáticas. FES Iztacala, UNAM. Av. Los Barrios No. 1. Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla. CP 54090, Estado de México. [meheres@hotmail.com](mailto:meheres@hotmail.com)

El metilmetanosulfonato (MMS) es un mutágeno alquilante directo, el uretano es un promutágeno que requiere activación por citocromos P450 (CYP450s) y el 4-NQO es un cancerígeno radiomimético de la luz UV. Las líneas *flare* y *Oregon-flare* de *Drosophila melanogaster* tienen niveles regulados y constitutivos altos de CYP450s respectivamente y reparan normalmente el daño al DNA. La línea *mei<sup>9A</sup>41<sup>D5</sup>* es un mutante doble, deficiente en reparación por escisión de nucleótidos (NER) y tiene niveles regulados de CYP450s. Para validar en pruebas de toxicidad la concentración letal media (CL<sub>50</sub>), sensibilidad (ordenada al origen) y potencia (pendiente) en el modelo *D. melanogaster* con estos marcadores, se alimentaron por separado larvas de 72 ± 4 h, de las tres líneas, con MMS 0, 0.03, 0.09, 0.18, 0.37, 0.75, 1.5, 3 y 6 mM, con uretano 0, 15, 20, 25, 30, 35 y 40 mM y con 4-NQO 0, 0.156, 0.312, 0.625, 1.250, 2.5, 5 y 10 mM, en experimentos independientes con sus respectivas réplicas. Con regresión polinomial (2º orden) se calcularon para cada línea vs concentraciones de mutágeno los parámetros descritos y se analizaron con análisis de varianza (ANOVA) y la prueba de Tukey (p<0.05). Como se esperaba, existe clara respuesta a los [mutágenos]. Con MMS no hubo diferencias estadísticas significativas entre las líneas, para ningún parámetro (p>0.05). Con uretano: hubo diferencias (p<0.05) entre las CL<sub>50</sub> con el valor menor en *mei<sup>9A</sup>41<sup>D5</sup>*. En la potencia los resultados fueron: *mei<sup>9A</sup>41<sup>D5</sup>*>*Oregon-flare=flare*, pero no hubo diferencias en la sensibilidad. 4-NQO: no se encontraron diferencias entre las líneas para CL<sub>50</sub> y sensibilidad, pero sí la hubo entre las potencias donde *mei<sup>9A</sup>41<sup>D5</sup>*>*flare*>*Oregon-flare*. Con base en los antecedentes se explican los eventos que generaron las diferencias observadas y se señala la pertinencia de utilizar estos marcadores de *D. melanogaster* para estudios de toxicidad.

## REDUCCIÓN DE LA TASA DE MUTACIÓN ESPONTÁNEA DE LOS MARCADORES DE SMART EN ALA EN *Drosophila melanogaster* ALIMENTADA CON BRÓCOLI (*Brassica oleracea* var. *italica*).

<sup>1</sup>López Rocha Luz Zoraya, <sup>1,2</sup>Dueñas García Irma Elena, <sup>1</sup>Castañeda Partida Laura, <sup>3</sup>Durán Díaz Ángel y <sup>1</sup>Heres Pulido Ma. Eugenia.

<sup>1</sup>Lab. Genética Toxicológica, <sup>3</sup>Área de Matemáticas. FES Iztacala, UNAM. Av. Los Barrios No. 1, Los Reyes Iztacala. Tlalnepantla, Estado de México. CP 54090. [lduenase@correo.unam.mx](mailto:lduenase@correo.unam.mx)

El brócoli contiene glucosinolatos, índoles, vitaminas A, C y E, clorofilina y flavonoides. El glucosinolato sulforafano es el principal componente protector del brócoli que previene neoplasias e induce las enzimas de la fase II del metabolismo xenobiótico. En la prueba Bioactivación Elevada (BE) de SMART (Somatic Mutation and Recombination Test) en ala en *D. melanogaster* los CYP450s que activan promutágenos son constitutivos. Además se ha reportado acción insecticida para esta brassicacea. Con brócoli comercial liofilizado, sin control de contaminantes químicos, se valoró el efecto tóxico en líneas *flare*, *mwh* y *Oregon-flare* de *D. melanogaster* y la genotoxicidad con SMART en ala (BE) a 0, 25, 50, 100% de brócoli/medio instantáneo. La toxicidad fue nula en todos los tratamientos y líneas. En SMART hubo efecto dosis-respuesta estadísticamente significativo, por reducción en la tasa de mutación espontánea, reflejado en manchas totales, con 50 y 100% de brócoli; esto puede explicarse: porque alguno(s) de los componentes del brócoli atrapan radicales libres y/o por la acción del sulforafano. Aunque el brócoli fue adquirido en el mercado (por lo que se desconocen las condiciones de cultivo) y la línea *Oregon-flare* tiene niveles constitutivos altos de los CYP450s, no se observaron diferencias significativas para la toxicidad entre las líneas. Se esperaba que la bioactivación de algún compuesto endógeno o exógeno en el brócoli incrementara la genotoxicidad con respecto al testigo negativo, sin embargo, se obtuvieron los resultados descritos. Con base en esto, se valorará el efecto antimutagénico del brócoli y del sulforafano contrastando con testigos mutágenos y promutágenos.

## GENETICA BACTERIANA: PATOGENOS DEL TRACTO RESPIRATORIO DE LAS AVES

Soriano VE, Vázquez Chagoyán JC, Salgado Miranda C

Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Salud Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Autónoma del Estado de México. soriano@uaemex.mx

**INTRODUCCIÓN:** Las enfermedades respiratorias de las aves, constituyen una de las principales causas que aquejan a la avicultura, principalmente las de origen infeccioso. Las bacterias se encuentran entre los agentes de importancia, como *Pasteurella multocida*, *Haemphilus paragallinarum* y *Ornithobacterium rhinotracheale*, entre otros. Estas especies poseen características antigénicas e inmunogénicas particulares, contrario a lo mencionado por Margulis y Sagan (2002). Por esta razón, la clasificación serológica de estos microorganismos es determinante en la prevención y control de las enfermedades ocasionadas. Actualmente, la epizootiología molecular de estas infecciones contribuye sobremanera en la implementación de estrategias preventivas más eficaces. Las técnicas basadas en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), permiten la determinación rápida la de diversidad genética en poblaciones estudiadas de estas bacterias. Sin embargo, la identificación de microorganismos relacionados presuntamente de manera clonal por estas técnicas, tiene un gran valor práctico. **Objetivos:** Caracterización de bacterias respiratorias de las aves por la técnica de ERIC-PCR. **METODOLOGÍA:** Empleo de un par de iniciadores que amplifican secuencias repetitivas en una PCR con temperatura de alineación baja. Discriminación de aislamientos en función del patrón ERIC obtenido y serovar correspondiente. **Resultados:** Diversidad en los patrones ERIC, tanto en cepas de referencia como aislamientos, por lo que se asume diversidad genética. Algunos aislamientos del mismo serovar y obtenidos en la misma área geográfica compartieron patrones ERIC, por lo que se asume una relación clonal. **DISCUSIÓN/CONCLUSIONES:** Por ejemplo, la bacteria *H. paragallinarum* se clasifica en nueve serovares distribuidos en tres serogrupos, de los cuales, cuatro serovares (A-1, A-2, B-1 y C-2) se han identificado en aislados de México. Los serogrupos representan, también, tres inmunovares. Resultados similares se obtuvieron en aislamientos de *O. rhinotracheale*. Los resultados obtenidos con el empleo de este método, llevan a contrastarla la técnica con otras y transferirla al estudio de la epizootiología molecular de otras bacterias aviares.

## DETERMINACIÓN DE LA MUTACIÓN DEL GEN *GyrA* DE *Salmonella* spp ASOCIADA A LA RESISTENCIA A QUINOLONAS.

Talavera Rojas Martín., Vázquez Chagoyan Juan Carlos, Lagunas Bernabé Salvador, Robles F

Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Salud Animal. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Autónoma del Estado de México. Km. 15.5 Autopista Toluca-Atlacomulco. Toluca, México. Tel. 01-722.2965555. Email: mtr0035@yahoo.com.mx

La salmonelosis es la causa más común de brotes de origen alimentario. La infección se puede adquirir por la ingestión de productos avícolas, carne, leche y vegetales contaminados desde su origen. El objetivo del trabajo fue determinar las mutaciones en el gen *gyrA* de *Salmonella* spp resistentes a las quinolonas. La determinación del tamaño de muestra se realizó mediante un sorteo aleatorio seleccionando 4 municipios (Toluca, Zinacantepec, Mexicaltzingo y Metepec). Los ganglios y vesícula biliar fueron tomados y transportados a la sección de microbiología del CIESA/FMVZ/UAEM, donde fueron procesadas. Las colonias sospechosas de *Salmonella* fueron identificadas por el sistema api20E (bioMérieux S.A., Marcy l'Etoile, France) La serotipificación se realizó por medio de pruebas aglutinación en el Instituto Nacional de Referencia Epidemiológica (INDRE). Para determinar la sensibilidad antimicrobiana *in vitro*, se utilizó el método de Kirby-Bauer utilizando los siguientes antibióticos: Ácido nalidíxico (30 mcg), ofloxacina (5 mcg), norfloxacina (10 mcg) y ciprofloxacina (5 mcg). Para diferenciar el gen mutante se utilizó la técnica de AS-PCR-RFLP. Se observa un 33.72% de resistencia para el ácido nalidíxico, y un 9.30% de susceptibilidad intermedia para la norfloxacina y 12.79% y 16.27% de medianamente sensibles para ciprofloxacina y ofloxacina respectivamente. Se observó una amplia variación del halo de inhibición para el ácido nalidíxico. Las mutaciones del gen *GyrA* en las cepas de *Salmonella* aisladas fueron principalmente en la serina 83, y en menor grado en la asparmina 87 y la glicina 81 del mismo gen. Se observó alta relación entre la presencia de la mutación y la resistencia a las quinolonas y el principal serotipo involucrado fue el *Typhimurium*. El monitoreo de mutaciones en el gen *gyrA* asociadas a resistencia a quinolonas parece ser muy importante pero desafortunadamente, en México no hay este tipo de estudios. Este es el primer trabajo hecho en aislamientos de *Salmonella* en cerdos sanos sacrificados para consumo humano. La importancia primordial es el alto riesgo que se tiene, no solo por las infecciones clínicas, sino también por la transmisión de estas cepas multirresistentes al humano y animales y la subsecuente cadena de transmisión a otras *Salmonellas* u otros géneros bacterianos

## EVALUACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD DE SUELOS MINEROS DE VILLA DE LA PAZ-MATEHUALA SAN LUIS POTOSÍ, MÉXICO

<sup>2</sup>Cervantes Ramos C, <sup>1,2</sup>Juárez Santacruz L, <sup>1,2</sup>Sánchez-Alarcón J, <sup>3</sup>Gómez-Olivares JL y <sup>1,2</sup>Valencia Quintana Rafael

<sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética Ambiental, Centro de Investigación en Genética y Ambiente, y <sup>3</sup>Posgrado en Ciencias Ambientales, Secretaría de Investigación Científica y Posgrado, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Av. Universidad No. 1 La loma X. Tlaxcala, Tlax., México C.P. 90000, Tel/fax 01 (248)4815500 <sup>3</sup>División de Ciencias Biológicas UAM-Iztapalapa e-mail: [ccervantes\\_amos@hotmail.com](mailto:ccervantes_amos@hotmail.com) y [rafael@cci.uatx.mx](mailto:rafael@cci.uatx.mx)

Las zonas mineras son sitios potencialmente peligrosos debido a la contaminación por metales pesados. Por tal motivo, deben ser evaluadas desde el punto de vista de salud ambiental, es decir, deben atenderse los niveles de contaminación en los diferentes medios, deben estudiarse los niveles de exposición en las poblaciones y al mismo tiempo es importante conocer los efectos biológicos que hubiere en los organismos expuestos. Suelos mineros de Villa de la Paz-Matehuala, SLP, México, contaminados con metales pesados (As, Pb, Cu y Zn), fueron evaluados para analizar su capacidad para inducir intercambios de cromátidas hermanas (ICH), en células meristemáticas de la raíz principal de *Vicia faba*. Plántulas de *Vicia faba* fueron tratadas con solución de análogos (BrdU, FdU, U) por un ciclo de replicación (20 h), posteriormente fueron expuestas durante 1 hora a 1, 5 y 10 g de suelos de Villa de la Paz-Matehuala, en solución acuosa (100 ml), enseguida se dejaron por un segundo ciclo de replicación (20 h) en solución fresca de análogos y las 3 últimas horas se expusieron a colchicina 0.5% para obtener células en metafase. Se aplicó la técnica de tinción de Feulgen con reactivo de Schiff y se realizaron las preparaciones permanentes para su posterior análisis al microscopio para la identificación de los de ICH. Los resultados mostraron un incremento estadísticamente significativo de las frecuencias de ICH en los tres lotes tratados con respecto al testigo, no obstante conforme se incrementó la cantidad de suelo la frecuencia de ICH disminuyó, es decir la frecuencia más alta se encontró con 1 g y la más baja con 10 g, lo cual puede deberse a la combinación de efectos citotóxicos además del daño genético observado. Esto último fue respaldado por el análisis del índice mitótico el cual disminuyó conforme se incrementó la cantidad de suelo. Con este estudio, se demuestra el posible riesgo de daño citotóxico y genotóxico para los organismos expuestos a suelos contaminados de Villa de la Paz-Matehuala, no obstante, se recomienda probar cantidades inferiores a 1 g de suelo para disminuir el daño citotóxico y observar si aún persiste el daño genotóxico.

## DETERMINACIÓN DE ALGUNOS FACTORES INVOLUCRADOS EN LA HIBRIDACIÓN DE QUINUA Y CHÍA ROJA (*Chenopodium quinoa* WILLD. X *Ch. berlandieri*).

González Jiménez J, Velásquez Juárez L y Gutiérrez JP

Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, [igi@nuclear.inin.mx](mailto:igi@nuclear.inin.mx)

Con el objeto de obtener híbridos del género *Chenopodium* aptos para zonas marginales de México, con alto rendimiento y bajo nivel de saponinas, se comenzó la investigación sobre los factores relacionados para la hibridación de un mutante de quinua con bajo contenido de saponinas (*Ch. quinoa* Willd. cv. Barandales 20Krad) y una *Chenopodaceae* mexicana, tolerante a zonas marginales (*Ch. berlandieri* spp. *nuttalliae*, cv. chía roja). Después de realizar diversos estudios tanto *in vivo* como *in vitro* de los gametofitos y de efectuar algunas pruebas de hibridación, se determinaron: la fase fenológica adecuada de las plantas, el tamaño, aspecto y posición de las flores fértiles tanto de quinua (flores receptoras) como de chía (donadoras de polen) y seis fases de desarrollo del gineceo en quinua, determinando a la fase 5 como la receptora. Todo lo anterior permitió obtener la sincronía de maduración para efectuar las polinizaciones. Sin embargo, sólo fue posible obtener embriones ginogenéticos, cuya evaluación se está efectuando. Actualmente se realiza la hibridación indirecta, es decir la eliminación del estilo y los estigmas de los gineceos receptivos de quinua ya que se cree que ello, permitirá eliminar la barrera genética natural y hacer posible la fusión de los núcleos y producción del el híbrido buscado.

Se contó con ayuda de CONACyT, Proyecto 33285-B

## ELABORACIÓN DE UN PADRÓN E INSPECCIÓN DE SITIOS POTENCIALMENTE PELIGROSOS EN EL ESTADO DE TLAXCALA Y SUS IMPACTOS EN LA SALUD.

<sup>1,3</sup>López Sánchez JG, <sup>2,3</sup>Sánchez Alarcón Juana, <sup>1,3</sup>Pérez González Luz del Carmen, <sup>3</sup>Elvia Ortiz Ortiz, <sup>1</sup>Zempoalteca Espinosa Saúl y <sup>2,3</sup>Valencia Quintana Rafael

<sup>1</sup>Departamento de Agrobiología, Licenciatura de Biología <sup>2</sup>Centro de Investigación en Genética y Ambiente. <sup>3</sup>Posgrado en Ciencias Ambientales, Secretaría de Investigación Científica y Posgrado. Universidad Autónoma de Tlaxcala. Av. Universidad No. 1 La Loma X., Tlaxcala México. [gabinolopezsanche@hotmail.com](mailto:gabinolopezsanche@hotmail.com) ó [rafael@cci.uatx.mx](mailto:rafael@cci.uatx.mx)

La principal limitante para el estudio de sitios peligrosos es la falta de información que existe sobre ellos. Las autoridades, las organizaciones sociales y los académicos, carecen de datos sobre su localización, tipos de contaminantes, niveles de contaminación, áreas contaminadas, así como de los daños potenciales en los organismos expuestos. En el estado de Tlaxcala el desarrollo industrial y el aumento de la población han traído consigo el deterioro del ambiente y de la salud, por tal motivo, el propósito del presente trabajo es identificar y evaluar los sitios potencialmente peligrosos para el ambiente y la salud de la población. La investigación tiene dos componentes: el primero es la generación de un listado de sitios potencialmente peligrosos, priorizados con base a su riesgo potencial. El segundo es una inspección y análisis de éstos para determinar se posible impacto en la salud poblacional. Para el primer caso se está reuniendo información a través de expertos, de inventarios industriales y de bases de datos (INEGI), con el propósito de identificar los lugares, el tipo de área (región agrícola, minera, macroindustrial, microindustrial, con depósitos no controlados) y el tipo de residuos. Con base en esta investigación se priorizarán los sitios potencialmente peligrosos, tomando en cuenta otros factores como la cercanía de la población, la vulnerabilidad social y la población afectada entre otros. La segunda fase, de inspección, permitirá determinar el tipo de contaminantes existentes, así como los posibles puntos de exposición. Enseguida se procederá a realizar una estimación preliminar del riesgo en la salud de la población, mediante la identificación de contaminantes críticos, análisis dosis/respuesta, estimación de exposición al contaminante, caracterización del riesgo y una identificación de factores asociados. Se han realizado reuniones con dependencias estatales encargadas de la protección del ambiente y la de salud, las cuales aportaron información de 4 sitios. Actualmente se tiene una lista con aproximadamente 30 de ellos, se proyecta realizar una priorización para identificar los más peligrosos y realizar la visita a éstos para determinar su grado de peligrosidad y afectación ambiental y de salud poblacional, identificando marcadores de exposición, de daño y de susceptibilidad a nivel genético.

Agradecimientos: El presente trabajo se desarrollo con apoyo de los Fondos Mixtos CONACYT-Gobierno del Estado de Tlaxcala clave: Tlax-2003-C02-12552

### COP'S Y DAÑO GENÉTICO EN LINFOCITOS Y HEPATOCITOS DE *Pelicanous erythrorhyncus Goodea atripinnis* DEL LAGO DE CHAPALA

Alvarez Moya C, Andrade Martínez EM, Reynoso Silva M, Arévalo Hernández A.

Laboratorio de Genética, Departamento de Biología Celular y Molecular, CUCBA, Universidad de Guadalajara. Km 15.5 Carretera a Nogales, Zapopan Jalisco, México.

Teléfono/Fax: 36820073 Correo Electrónico: [calvarez@cucba.udg.mx](mailto:calvarez@cucba.udg.mx)

ANTECEDENTES. El lago de Chapala es el cuerpo de agua más importante de México y de él se provee de agua a la zona metropolitana de Guadalajara. A este embalse llega una cantidad considerable de COP'S (compuestos orgánicos persistentes) conocidos por su peligrosidad genética y carcinogénica. Objetivo. Valorar el nivel de COP'S en muestras de agua del Lago de Chapala y evaluar el daño genético en linfocitos y células hepáticas de *Pelicanous erythrorhyncus* y *Goodea atripinnis* con la prueba del cometa. MATERIAL Y MÉTODOS. Se colectaron muestras de agua en diferentes zonas del Lago de Chapala mismas que fueron analizadas por cromatografía de gases. Los pelícanos y peces se capturaron vivos y se transportaron al laboratorio en donde se diseccionaron para extraer el hígado y sangre. Se llevó a cabo la prueba del cometa en linfocitos y células hepáticas para evaluar la integridad del material genético. Como control negativo se utilizó agua, un pelícano de la Laguna de Saluya y varios peces del mismo lugar. RESULTADOS. La concentración de COP'S prácticamente fue nula: (trazas) y el daño genético en linfocitos y hepatocitos de ambas especies en los dos lugares no es significativo ( $p > 0.05$ ) (media de migración en Chapala 13.25, 12.60 micras y 11.81 y 11.60 micras en Sayula para *Goodea atripinnis* y *Pelicanous erythrorhyncus*). DISCUSIÓN. El nivel de COP'S en aguas del Lago de Chapala y su impacto sobre *Pelicanous erythrorhyncus* y *Goodea atripinnis* no representa una amenaza para los seres vivos que habitan o consumen agua del Lago de Chapala.

## EFECTO DE LA PRESENCIA DE CROMOSOMAS BALANCEADORES EN LA RESPUESTA GENOTÓXICA DE *Drosophila melanogaster*.

García Martínez V y Ramos Morales P.

Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias, UNAM, Circuito exterior, C.P. 04510. Tel. 56224906, Fax. 56225194. viga\_mar@hotmail.com

**INTRODUCCIÓN.** Desde su introducción por Müller, los cromosomas balanceadores han sido una herramienta esencial en la genética de *Drosophila*. En estos cromosomas se introducen numerosas inversiones por la exposición a agentes físicos y/o químicos, provocando la pérdida gradual de homología. Se han diseñado principalmente para los cromosomas X, 2 y 3 de *Drosophila*, para suprimir la recombinación y mantener la homología de un cromosoma o un segmento de éste intacto en una cruce o stock. Se utilizan para mantener en heterocigosis mutaciones letales recesivas y dominantes, así como para conservar sin cambios arreglos resultantes de la exposición de los organismos a genotóxicos, como en la evaluación de la inducción de mutaciones letales recesivas ligadas al sexo, mutación y recombinación somática y reparación *in vivo* del daño al DNA. No obstante, a pesar de su amplio uso, existe escasa información acerca de las consecuencias de múltiples inversiones en aspectos como el metabolismo, el efecto de ciertos genotóxicos, especialmente aquellos asociados a lesiones que implican reparación postreplicativa y la segregación de los cromosomas. **OBJETIVO:** Evaluar la participación de cromosomas balanceadores en la sobrevivencia de *Drosophila melanogaster* ante la exposición al mutágeno, alquilante, metilmetanosulfonato (MMS). **METODOLOGÍA.** Tres concentraciones de MMS se administraron por 48 h a larvas de tercer estadio, provenientes de tres cepas, dos de las cuales tienen balanceado el cromosoma X(1): la cepa FM7/mei9mei41, cuya descendencia produce cuatro fenotipos distintos en donde dos de ellos presentan el cromosoma balanceador (se consideran eficientes en la reparación de lesiones al ADN) y los otros dos son homocigotos para mutaciones que confieren deficiencia en la reparación del ADN; la cepa Basc/Basc que presenta balanceado el par de cromosomas X y moscas de tipo silvestre (Canton-s) considerada como testigo por no poseer ningún tipo de inversión. Se comparó el índice de sobrevivencia obtenido con cada una de las cepas. **RESULTADOS.** El índice de sobrevivencia de las tres cepas fue similar en las concentraciones seleccionadas. Sin embargo, de la progenie resultante de la cepa FM7/mei9mei41, las moscas portadoras del balanceador mostraron un índice de sobrevivencia ligeramente mayor que el de la cepa silvestre y la Basc/Basc.

## OBTENCIÓN DE LA CURVA DE VIABILIDAD HUEVO-ADULTO DE TRES CEPAS DE *Drosophila melanogaster*.

García Niño WR y Ramos Morales P

Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias, UNAM, Circuito exterior, C.P. 04510. Tel. 56224906, Fax. 56225194. prm@hp.ciencias.unam.mx

**INTRODUCCIÓN.** *Drosophila melanogaster* es un organismo muy utilizado en pruebas experimentales. Se cuenta con gran cantidad de mutantes lo que ha favorecido el uso de este organismo en áreas como la mutagénesis. Se utilizan sistemas de cruces para evaluar eventos genéticos terminales: mutación germinal, somática, reparación del ADN, pérdida de cromosomas y malformaciones inducidas durante el desarrollo, sin embargo, es común que en la evaluación de genotoxicidad no se disponga de información acerca de la fracción de organismos que sobreviven a un tratamiento, de manera que el impacto de la respuesta obtenida tenga además, un significado biológico de interés. El uso de ciertos marcadores genéticos, así como de arreglos sofisticados afecta el metabolismo y la posibilidad de reparación del ADN, entre otros aspectos. Por lo anterior, en nuestro grupo se ha introducido como una constante el utilizar a moscas de tipo silvestre como una cepa testigo, es decir, moscas libres de mutaciones y arreglos específicos, de manera que pueda determinarse si en determinado momento el arreglo genético del sistema de cruce utilizado podría interferir en los resultados, conduciendo a falsas interpretaciones sobre la respuesta de genotoxicidad recobrada. **OBJETIVO:** Obtener la curva de viabilidad huevo-adulto de tres cepas de *Drosophila melanogaster*. **METODOLOGÍA.** En cajas de Petri se sincronizan, 30 hembras y 30 machos de cada cepa. Se registra el número de huevos y se mantienen a 25 °C. Cuando las larvas alcanzan el tercer estadio, se cuentan las larvas presentes en 3 cajas. En la mitad restante se registran las pupas recobradas y se conservan para obtener a los adultos. **RESULTADOS Y DISCUSIÓN.** Las cepas evaluadas fueron *Canton-S*, *mwh e* y *flr<sup>3</sup>/TM3, Ser*. La viabilidad de las moscas *flr<sup>3</sup>/TM3, Ser* es mayor que la obtenida por las *Canton-S* y las *mwh e*, en ese orden. Esta cepa presenta dos marcadores letales que se cancelan por ser un sistema de letales balanceados. Su gran fertilidad fue reconocida por diferentes grupos, de manera que incluso el esquema de cruces original de la SMART se modificó para obtener de esta cepa a las hembras que se utilizan en la cruce.

## **CALIBRACIÓN DE MODELOS *IN VIVO* (*D. virilis*, *D. hamatofila*, *Megaselia scalaris*) PARA LA EVALUACIÓN DE ALTERACIONES EN EL DESARROLLO POR AGENTES GENOTÓXICOS.**

Ríos Pérez Hugo Alberto Bautista Hernández Dorian Antonio, Ramos Morales Patricia  
Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias, UNAM, [prm@hp.fciencias.unam.mx](mailto:prm@hp.fciencias.unam.mx)

**INTRODUCCIÓN.** En el uso de biomonitores como indicadores de exposición a contaminantes en el ambiente, si bien ha dado importantes resultados, comúnmente nos enfrentamos al problema de que un solo organismo resulta poco o no representativo en diferentes habitats, debido principalmente a cuestiones ecológicas (adaptación, distribución, ciclo de vida, metabolismo, etc). La conservación de patrones de formación de los organismos facilita la búsqueda de biomarcadores centinelas de diversos efectos en el desarrollo de los organismos. *Drosophila melanogaster* ha mostrado ser sensible al efecto de diversos compuestos con actividad teratogénica. Se han identificado efectos en ojos, alas, patas y placas genital y anal, entre otras estructuras, dependiendo del compuesto utilizado (Muñoz, 2003). **OBJETIVO:** En este trabajo se comparan tres especies de dípteros: *Drosophila virilis* y *D. hamatofila* (Drosophilidae) y de *Megaselia scalaris* (Phoridae) como indicadores *in vivo* de daño teratogénico. **METODOLOGÍA.** Larvas de *Drosophila* en tercer estadio se expusieron por 48 h al aneuploidógeno Colchicina [0.00195 – 0.0625 mM], vía alimentación. Una vez emergidos los adultos se separaron por sexos, se contó el total de organismos recobrados en cada tubo y se revisó su morfología: simetría corporal, cabeza, tórax y abdomen. Se obtuvieron larvas de los dípteros seleccionados y se estableció la duración del ciclo de vida. Se ubicó el inicio y término de un estadio de desarrollo similar al tercer estadio de *Drosophila* y se les expuso a la colchicina vía alimentación. Una vez emergidos los adultos se revisaron como se indicó previamente. Se obtuvieron: el índice de sobrevivencia (IS), el índice sexual (ISx) y la presencia de alteraciones en el cuerpo entre los distintos dípteros. El IS y el ISx de las moscas experimentales y testigo se compararon mediante un ANOVA de una vía, mientras que para la inducción de alteraciones se utilizaron las tablas de Kastenbaun-Bowman; para ambos ensayos se utilizó un  $\alpha = 0.05$ . **RESULTADOS Y DISCUSIÓN.** Los resultados obtenidos mostraron similitud en la respuesta de los dípteros seleccionados con la producida por *Drosophila*. **CONCLUSIÓN.** Los principios básicos del desarrollo permiten utilizar diversos organismos para el biomonitoreo, ampliando las expectativas para alcanzar metodologías aplicables al biomonitoreo *in situ*.

## **DETERMINACIÓN DE LA RESPUESTA DE GENOTOXICIDAD DE MUESTRAS DE DOS LOCALIDADES DE AGUA DULCE EN *Drosophila melanogaster*.**

Ledesma Vaca Pablo, Muñoz Hernández Adriana y Ramos Morales Patricia.

Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias, UNAM, Circuito exterior, C.P. 04510. Tel. 56224906, Fax. 56225194. [prm@hp.fciencias.unam.mx](mailto:prm@hp.fciencias.unam.mx)

**INTRODUCCIÓN.** La respuesta biológica a la presencia de los genotóxicos, derivada de la aplicación de modelos *in vitro* constituye sólo una aproximación de la obtenida a partir de modelos *in vivo* en condiciones controladas y ésta última, a su vez, es común que varíe de la que manifiestan los organismos en el ambiente, por lo que los avances de la investigación en esta área han tenido una aplicación limitada en la resolución de problemas ambientales. De especial interés en la toxicología genética ambiental es identificar, de una población expuesta a factores de riesgo, a la fracción de organismos que responden a niveles bajos de genotóxicos, ya que su mayor sensibilidad constituye una alerta de situaciones ambientales peligrosas que pueden ser atendidas antes de que un mayor número de organismos resulten afectados. Un elemento relevante en el biomonitoreo es conocer cuál es la frecuencia de los eventos terminales bajo estudio a partir de muestras ambientales. Es común que en la decisión de la genotoxicidad de factores ambientales, se utilicen sólo testigos de laboratorio, lo que conduce al hallazgo de “respuestas positivas”, ya que en condiciones controladas de laboratorio, la frecuencia de los eventos terminales es diferente y muestra menor variación que las obtenidas a partir de muestras ambientales reales. **OBJETIVO:** Determinar la respuesta de genotoxicidad de muestras de dos localidades de agua dulce en *Drosophila melanogaster*. **METODOLOGÍA.** Se utilizaron moscas de tipo silvestre y marcadas para evaluar mutación y recombinación somáticas. Se obtuvieron larvas de tercer estadio y se expusieron a diferentes diluciones de muestras de agua de la región de los Azufres, Michoacán. Se comparó la sobrevivencia en ambas cepas y se registró la frecuencia de mutación somática en cada concentración. **RESULTADOS Y DISCUSIÓN.** La exposición a las muestras ambientales (presa Pucuata) (laguna *Llano grande*) no afectan notablemente la sobrevivencia de las moscas, ni modifica el índice de sexualidad de las moscas tratadas. Se observó mayor variación en la frecuencia de mutación somática obtenida para cada sitio, sin embargo, las frecuencias obtenidas se encuentran en un intervalo de aproximadamente el 20 % de la frecuencia de testigos negativos históricos.



## EVALUACIÓN DEL POTENCIAL GENOTÓXICO DE LAS BEBIDAS ENERGÉTICAS RED-BULL Y B:OOST EN EL SISTEMA *in vivo* DE *Drosophila melanogaster*.

Serna Navarrete Lizeth, Rivas Martínez Hugo y Ramos Morales Patricia

Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias, UNAM, Circuito exterior, C.P. 04510. Tel. 56224906, Fax. 56225194. prm@hp.fciencias.unam.mx

**INTRODUCCIÓN.** La función de las bebidas energéticas es incrementar la resistencia física, proveer reacciones más veloces; aumentar el estado de alerta mental (evitar el sueño), proporcionar sensación de bienestar, estimular el metabolismo y ayudar a eliminar sustancias nocivas para el cuerpo. Estas bebidas están elaboradas con extractos de plantas estimulantes como el ginseng, semillas de guaraná, noni, cafeína, taurina, inositol, hidratos de carbono, carbohidratos y glucoronolactona, además de glucosas simples y saborizantes artificiales y algunos aminoácidos en disolución. Algunos reportes mencionan que en dosis excesivas a la recomendación diaria puede ocasionar problemas gastrointestinales y de hipertensión. En células somáticas de *Drosophila*, el aminoácido azufrado, taurina, incrementa el efecto genotóxico de la Nitrosodimetilamina, e interfiere con la diferenciación de células, tejidos y órganos durante el desarrollo. Cuando se administra sola, la taurina no incrementa la frecuencia de mutación somática, sin embargo, el tamaño de las manchas inducidas sugiere que se trata de una falsa respuesta negativa. **OBJETIVO:** Evaluar el posible efecto genotóxico de dos bebidas a base de taurina en *D. melanogaster*. **METODOLOGÍA.** Larvas de 72h de tipo silvestre y marcadas para la evaluación de mutación y recombinación somáticas en las alas de las moscas, se trataron con diferentes concentraciones de las bebidas Red-bull y b:ooost durante 48h. Se obtuvo el índice de sobrevivencia y la frecuencia de mutación y recombinación somática. **RESULTADOS Y DISCUSIÓN.** La sobrevivencia de las moscas testigo y tratadas fue similar, se observó la pérdida de aproximadamente el 20 % de las moscas a la menor concentración y al 100 %. La frecuencia de mutación recobrada mostró una curva similar a la observada para la sobrevivencia. Es probable que la administración de estos compuestos resulte citotóxica para algunos organismos y alcance a ser tóxica para otros. En las moscas experimentales expuestas a Red-Bull se observaron más manchas grandes en la concentración intermedia. **CONCLUSIÓN.** Se requieren estudios adicionales con estas bebidas y con las concentraciones de taurina equivalentes para determinar si la respuesta recobrada está asociada con la presencia de taurina en las bebidas, con los otros ingredientes o bien, con la interacción de éstos.

## COMPARACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DEL PROMUTAGENO DIMETIL-NITROSAMINA EN CEPAS DE *Drosophila melanogaster* SELECCIONADAS PARA RESISTENCIA A LA AZIDA DE SODIO.

Islas Guzmán María de Jesús y Ramos Morales Patricia

Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias, UNAM, Circuito exterior, C.P. 04510. Tel. 56224906, Fax. 56225194. prm@hp.fciencias.unam.mx

**INTRODUCCIÓN.** La susceptibilidad individual a diversos factores ambientales tiene componentes tanto genéticos como ambientales. Entre los genéticos se encuentra la dotación genética del organismo, mientras que entre las ambientales se señalan entre otras, la intensidad de la exposición y las interacciones entre el posible factor causal (genotóxico) con factores: físicos: temperatura, humedad y presión ambientales; químicos: presencia de co-genotóxicos y/o de otras sustancias que aumenten, disminuyan o nulifiquen el efecto genotóxico del factor de interés (mezclas complejas); y biológicos: presencia de enfermedades, parasitismo y otras. La azida de sodio es un compuesto que produce efectos contrastantes dependiendo de la concentración. Es un potente atrapador de oxígeno exitado, propiedad por la cual también se le adjudica un efecto protector. En *Drosophila*, induce recombinación somática, sólo en moscas libres de inversiones, probablemente como resultado de la reparación postreplicativa del DNA. En trabajos anteriores se ha observado que una fracción de las moscas expuestas a la azida de sodio parece ser resistente a sus efectos. Durante más de 3 años se han seleccionado moscas resistentes a la azida de sodio, cultivadas con concentraciones gradualmente mayores de este compuesto. **OBJETIVO:** Comparar el efecto genotóxico de la nitroso-dimetil amina (DMN) en cepas seleccionadas (S) y no seleccionadas con azida de sodio. **METODOLOGÍA.** Moscas las líneas *flr<sup>3</sup>* y *mwh* fueron seleccionadas por exposición permanente a la azida de sodio (3 años). Para evaluar el efecto de la selección sostenida con NaN<sup>3</sup> se emplearon cuatro cruzas: *flr<sup>3</sup> X mwh*; *flr<sup>3</sup>S X mwh*; *flr<sup>3</sup> X mwhS*; *flr<sup>3</sup>S X mwhS*. Se obtuvieron larvas de tercer estadio, que se trataron subcrónicamente con DMN [0.05 mM] (72 x 6 h). Se determinó el índice de sobrevivencia y la inducción de mutación y recombinación somática. **RESULTADOS.** Se obtuvo mayor sobrevivencia al tratamiento entre los organismos derivados de cruzas seleccionadas con azida que en las cruzas con organismos no seleccionados. La frecuencia de mutación y recombinación somática fue menor en las cruzas con moscas seleccionadas que con moscas no seleccionadas. **CONCLUSIÓN.** Los resultados obtenidos muestran que el efecto del proceso de la selección con la azida de sodio tiene una base genética.

## DETERMINACIÓN DEL POSIBLE EFECTO MUTAGÉNICO DE TRED A EN *Drosophila melanogaster*

Espinoza Camacho María Julia, Hernández Bernal Blanca y Ramos Morales Patricia.

Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias, UNAM, Circuito exterior, C.P. 04510. Tel. 56224906, Fax. 56225194. prm@hp.fciencias.unam.mx

**INTRODUCCIÓN.** La combinación sinérgica de caolín, pectina y neomicina muestra actividad tóxica contra bacterias enteropatógenas gastrointestinales, por lo que se utiliza como antidiarreico, bajo el nombre comercial de Treda. Este medicamento puede adquirirse de manera libre ya que su uso no se encuentra restringido. Aunque algunos reportes indican la posible toxicidad del Treda en humanos y ratas, no se cuenta con evidencias definitivas de su posible efecto carcinogénico, mutagénico o teratogénico. La mosca de la fruta *Drosophila melanogaster* es el eucarionte más conocido genéticamente, este modelo *in vivo* posee diversas características que lo hacen muy útil en la genética toxicológica. La Prueba de Mutación y Recombinación Somática (SMART) de las alas de *Drosophila melanogaster*, permite evaluar la posible actividad mutagénica y/o recombinogénica de diversos compuestos. **OBJETIVO:** Determinar la inducción de mutación y recombinación somática del Treda en *Drosophila melanogaster*. **METODOLOGÍA.** Larvas de 72 hrs provenientes de la craza *flr<sup>3</sup>/Tm3*, *Ser X mwh e* y de la cepa silvestre *C-s*, fueron tratadas vía alimentación con distintas concentraciones de Treda. Una vez que emergieron los adultos se registró el índice de sobrevivencia para ambas líneas. A las moscas de la craza SMART se les disectaron las alas y se analizaron en microscopio óptico a 40x. **RESULTADOS Y DISCUSIÓN.** Los resultados mostraron una relación inversamente proporcional entre el índice de sobrevivencia y la frecuencia de manchas, así como una sobrevivencia menor en las concentraciones más bajas (7 y 13 ppm). El Treda indujo mutación somática en la concentración 13 ppm, mientras que para la concentración recomendada (SANFER, 22 ppm) se encontró una respuesta negativa y menor a la frecuencia testigo. La distribución de la sobrevivencia en las diferentes concentraciones puede explicarse parcialmente por la activación de mecanismos de desintoxicación en las moscas tratadas con las concentraciones más altas. Por otro lado, la respuesta positiva en la prueba de SMART indica actividad mutagénica en *D. melanogaster*. También, el tratamiento podría provocar retraso o muerte celular en las concentraciones más altas. Sin embargo se requieren más estudios para determinar si el efecto encontrado se presenta también en otras condiciones de exposición y en otros organismos.

## SESIÓN VII. PRESENTACIONES ORALES

### ESTRUCTURA GENÉTICO-POBLACIONAL DE LA LAMPREA DE AGUA DULCE *Lampetra geminis*

Mejía Omar, Polaco OJ y Zúñiga G

Laboratorio de Variación Biológica y Evolución, Departamento de Zoología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas-IPN email: omejia@prodigy.net.mx

Los miembros de la familia *Petromyzontidae* constituyen los únicos supervivientes de los vertebrados más antiguos conocidos. La lamprea no parásita mexicana *Lampetra geminis* es de particular interés para propósitos de conservación, es una especie endémica, relictual y catalogada en peligro de extinción. En el presente estudio se utilizaron marcadores RAPD con el objetivo de describir la estructura genético-poblacional de *L. geminis*. Se colectaron un total de 77 ejemplares en cinco poblaciones, tres en la cuenca del río Grande de Morelia-Cuitzeo y dos en la cuenca del río Duero-Lerma-Chapala. Los 8 iniciadores seleccionados produjeron un total de 88 marcadores. Los índices de Shannon y Nei, así como la heterocigosidad fueron utilizados como estimadores de los niveles de diversidad genética. Los tres estimadores revelaron niveles de variación altos, la prueba de homogeneidad de varianzas (HOMOVA) reveló que no hay diferencias significativas en los niveles de variación entre poblaciones y entre cuencas. La distancia genética de Nei revela bajos niveles de diferenciación entre las poblaciones. El análisis molecular de varianza (AMOVA) indica que la mayor parte de la variación genética (91.4%) esta contenida dentro de las poblaciones, aunque alguna proporción estadísticamente significativa se encuentra entre las poblaciones ( $P < 0.001$ ). Los análisis de ordenación y agrupación muestran que los fenotipos RAPD no son agrupados de acuerdo con su origen geográfico. El sistema de reproducción y la superposición de generaciones pueden explicar los altos niveles de variación observados. La escasa diferenciación genética entre las poblaciones puede ser producto de la baja tasa de sustitución característica del grupo de las lampreas.

## **DETECCIÓN DE ALTERACIONES CROMOSÓMICAS DE PACIENTES ADULTOS CON LEUCEMIA AGUDA LINFOBLÁSTICA POR MEDIO CITOGENÉTICA CONVENCIONAL Y MOLECULAR**

Sierra Martínez Mónica<sup>1</sup>, Cruz Rico Jorge<sup>1</sup>, Pérez Vera Patricia<sup>2</sup> y Vergara, María Dolores<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Genética. Lab. de Genética del Hospital Juárez de México SSA, <sup>2</sup>Depto. de Investigación en Genética Humana del Instituto Nacional de Pediatría. [hjmmn@icqmail.com](mailto:hjmmn@icqmail.com)

**INTRODUCCIÓN.** El estudio citogenético convencional (ECC) es fundamental en el manejo de la leucemia aguda linfoblástica (LAL), ya que detecta alteraciones cromosómicas relacionadas con el diagnóstico, pronóstico y tratamiento de los pacientes que las portan. Sin embargo, el índice mitótico bajo y la mala calidad de la estructura cromosómica de las células leucémicas impide realizar un análisis adecuado; por sus características, el método de FISH provee una alternativa para estudiar estos casos. **Objetivo.** Detección de alteraciones numéricas y estructurales en pacientes adultos con LAL por citogenética convencional y/o FISH. **MATERIAL Y MÉTODO.** Se estudiaron 50 pacientes consecutivos con diagnóstico de LAL, los análisis se llevaron a cabo en muestras de médula ósea y de sangre. El ECC se realizó con bandas GTG y cuando este no se obtuvo, se utilizó la técnica de FISH con sondas  $\alpha$ -satélite de los cromosomas 8 y 18 y la secuencia única 21q22.13-q22.2, para detectar aneuploidías; también se utilizaron las sondas BCR y ABL para identificar la t(9;22). **Resultados.** Se obtuvieron resultados con ECC en 25 casos, el resto fueron analizados por FISH. El ECC mostró en 8 pacientes cariotipos normales y 17 casos presentaron cariotipo anormal. El análisis de FISH reveló 11/25 casos con alteraciones numéricas o estructurales o la combinación de ambas; la fusión BCR/ABL se observó en 4 casos. Al integrar los resultados obtenidos del ECC y de FISH de los 50 pacientes, se observó lo siguiente: a) 7 pacientes fueron portadores de la t(9;22); b) 9 presentaron alteraciones no recurrentes; c) 2 fueron hipodiploides; d) un caso mostró hiperdiploidia alta; e) en 7 se observó hiperdiploidia baja; f) 2 con tetraploidia; g) 8 con cariotipo normal y h) 14 no mostraron alteraciones con el análisis de FISH. **CONCLUSIONES.** El método de FISH es una herramienta de apoyo para la detección de alteraciones con valor pronóstico, ya que permitió obtener resultados en los casos en los que el ECC falló. Sin embargo tiene limitaciones, ya que para llevar a cabo un análisis completo es necesario incrementar el número de sondas para identificar otro tipo de alteraciones numéricas y estructurales.

## **RELACION GENETICA DE *Staphylococcus aureus* AISLADOS DE GLANDULA MAMARIA BOVINA CON MASTITIS DE UN HATO LECHERO.**

Zschoeck Michael\*, Castañeda Vázquez Hugo<sup>1</sup> y Sommerhäuser Jürgen\*.

\*Instituto Estatal de Investigaciones de Hesse. Depto. de Medicina Veterinaria. Giessen D-35396, Alemania Federal. M. [zschoeck@suah.hessen.de](mailto:zschoeck@suah.hessen.de)

<sup>1</sup>Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias. División de Ciencias Veterinarias y Unidad de Morfología de Alta Resolución, Laboratorio de Mastitis; Universidad de Guadalajara, Km. 15.5 Carretera Guadalajara-Nogales, Zapopan, Jalisco.

La mastitis puede ser causada por una gran cantidad de especies bacterianas pero la más importante es *Staphylococcus aureus*, responsable de grandes pérdidas de la industria lechera. Durante los últimos años la tipificación genética de *S. aureus* ha hecho considerables avances y la prueba conocida como fingerprinting genómico ha sido una poderosa herramienta, para conocer la epidemiología y asegurar qué cepa coloniza e infecta la ubre de las vacas. Se utilizaron 26 cepas de *S. aureus* aisladas de 16 vacas en un hato comercial lechero. Se aislaron los microorganismos de acuerdo a las normas de la International Dairy Federation, se realizaron las pruebas bioquímicas y la prueba de susceptibilidad a antibióticos. Las pruebas de biología molecular realizadas fueron PCR (prueba de reacción en cadena de la polimerasa), para el gen Spa (Región X) y coagulasa (gene Coa) para detectar polimorfismos. Enseguida se realizó la prueba de electroforesis de campos pulsátiles para un análisis de macro restricción de ADN cromosomal, según los procedimientos internacionales. Todas las cepas fueron positivas para las reacciones bioquímicas-morfológicas características de *S. aureus* mientras que los patrones de resistencia a antibióticos mostraron solo un tipo de la especie. La amplificación del gen codificador para la región XSpa dio amplicones de 520 pb para 25 aislamientos y 540 pb para un aislamiento. Se detectó un solo tipo para el gene Coa. 24 patrones de restricción del ADN corresponden al mismo tipo y sólo 2 aislamientos fueron diferentes para los genes Coa y Spa. Se pudo aislar un tipo dominante de *S. aureus* en todas las vacas estudiadas, pero algunos animales se estaban infectados con más de uno. La deficiencia en la variación de los patrones sugiere que una cepa sencilla es la causante de la infección del hato lechero lo cual coincide con otras investigaciones que sugieren la existencia de una cepa predominante.

## **FACTORES QUE INFLUYEN EN LA FRECUENCIA DE LAS ESPECIALIDADES DE LOS TRABAJOS PRESENTADOS EN LOS CONGRESOS DE LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA**

Villalobos-Pietrini Rafael, Guzmán Rincón Judith, Amescua García Claudio

Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM, Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, DF, México

La Sociedad Mexicana de Genética ha realizado reuniones y congresos nacionales. En las reuniones se presentaron trabajos en proceso y en los Congresos trabajos terminados. La primera reunión se organizó en Mazatlán en 1974 y otras cuatro en el D.F. y Tlaxcala (1986 a 1989); en ninguna se nota la influencia de la especialidad del presidente en la presentación de los temas. Mientras que en los congresos nacionales sí se observa esa influencia: en el 1o y 2° (Tlaxcala 1990 y Saltillo 1991) 40 y 50 % respectivamente, fueron trabajos de genética de plantas, especialidad de la presidenta Dra. Sandra Gómez; en 1992 (Guanajuato) y 1993 (Mazatlán) las mayores frecuencias fueron en genética humana (25 y 27%) área de la Dra. Sara Frías; en 1994, bajo la presidencia de la Dra. Judith Guzmán, se realizó un Congreso Latinoamericano en Puerto Vallarta lo que impidió hacer el análisis de influencia. En 1995, siendo presidenta la Dra. Judith Guzmán el congreso se organizó en Xalapa y el mayor porcentaje (26%) correspondió al área de insectos con un fuerte predominio de *Drosophila*. En 1996 y 1997 el presidente, Dr. Emilio Rojas, organizó los congresos en Aguascalientes y Ensenada, con 26 y 28 % de trabajos de genética humana. En el congreso de Ensenada la genética de organismos acuáticos tuvo una frecuencia elevada (12 %) debida al Dr. Carlos Márquez, organizador regional. En 1998 y 1999 el Dr. Mario Altamirano presidió los congresos en Acapulco y Guadalajara junto con la Sociedad Mexicana de Genética Toxicológica, en el primero el porcentaje mayor fue de genética humana (26%) y en el segundo de genética de roedores (30%), ambos temas especialidad del presidente. En el Congreso de 2000, presidido por la Dra. Patricia Ramos, participaron tres asociaciones más, por ello el porcentaje de genética humana, no de su especialidad, fue mayor (28%), pero el de genética de insectos, temática de la presidenta, fue 22%. En 2001 no hubo congreso y en 2002 y 2003 (Morelia y Oaxaca) predominaron los trabajos de genética humana (23 y 24 %, respectivamente) actividad del presidente, M. en C. Ernesto Rodríguez.

## **EL ORIGEN DE LA GENÉTICA EN MÉXICO**

Villalobos Pietrini Rafael, Guzmán Rincón Judith, Olvera Ramírez Olga, Amescua García Claudio

Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM, Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510 D.F., México, correo electrónico rvp@atmosfera.unam.mx  
En 1960 el Dr. Alfonso de Garay organizó y fue nombrado Director del Programa de Radiobiología y Genética en la Comisión Nacional de Energía Nuclear ahora Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. Este Programa incluyó por primera vez profesionistas jóvenes, especialmente biólogos, que en sus laboratorios de diversas especialidades de Genética realizaron investigaciones con microorganismos hasta poblaciones humanas. En 1996 fundó y fue el primer Presidente de la Sociedad Mexicana de Genética. Es ahora, más de cuatro décadas después de que él estableciera el Programa de Radiobiología y Genética, que podemos apreciar verdaderamente el enorme impacto que tuvo en el desarrollo de la Genética en México. Muchos de los actuales líderes en la Genética Mexicana deben sus carreras a la experiencia y conocimientos que obtuvieron trabajando en su laboratorio. A través de su labor como maestro, investigador y administrador, influyó para que nuestra formación permitiera que nos dedicáramos a la investigación y a realizar actividades tutoriales mediante tesis de licenciatura, maestría y doctorado en las diversas especialidades de la Genética. Les presentamos parte de la historia del desarrollo de la Genética en México en un Árbol Genealógico que comienza con el trabajo del Dr. de Garay e incluye al menos 50 laboratorios de investigación en Genética, todos ellos establecidos por miembros del Programa original de Radiobiología y Genética o sus colaboradores. Estos se encuentran en la UNAM, la UAM y el CINVESTAV en la Ciudad de México y en otras universidades de los estados de la República Mexicana como Baja California, Coahuila, Hidalgo, Chiapas, Oaxaca, Puebla, Querétaro, Sinaloa, Tabasco, Tlaxcala, Veracruz y Yucatán, entre otras. En resumen, el Dr. de Garay ha dejado un importante ejemplo difícil de alcanzar y digno de seguir.

## CONFERENCIA

### SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA 1966-2004

Guzmán Rincón Judith; Villalobos Pietrini Rafael

Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM

[judisabe@yahoo.com.mx](mailto:judisabe@yahoo.com.mx)

Una práctica común del ser humano es hacer reflexiones periódicas acerca de su quehacer, misma que se refleja no sólo en su vida privada, sino en sus actividades sociales. Es tal vez esta necesidad de reflexionar la que nos motivó a reandar los pasos de nuestra sociedad y a compartir con todos sus miembros esta experiencia.

En julio de 1965, tuvo lugar la conmemoración del 1<sup>er</sup> Centenario de la presentación de los trabajos de Gregorio J. Mendel, en este evento se mostraron los avances en las diferentes áreas de la genética en México, el programa estuvo integrado por conferencias de divulgación sobre aspectos científicos y filosóficos de la Biología, la Evolución y la Genética. Entre los ponentes podemos mencionar a: Alfonso L. de Garay, Teófilo Herrera, Santiago Genovés, Rubén Lisker, Salvador Armendáez, Eucario López Ochotorena, Roberto Llamas, Mario Salazar Mallén, T. Angel Kato, Facundo Barrientos, María Teresa Zenzes, Rafael Villalobos Pietrini y Rodolfo Félix Estrada, entre otros.

Durante el período que siguió a la celebración del 1<sup>er</sup> Centenario de los trabajos de Mendel, la inquietud sembrada por el evento creó un ambiente favorable para el desarrollo de la genética y para formar una sociedad en la que se pudieran discutir e intercambiar ideas y resultados, así con 27 socios el 4 de mayo de 1966, se fundó la Sociedad Mexicana de Genética. El 12 de julio de 1966, en una reunión ordinaria se llevó a cabo la elección de la primera mesa directiva que guió los destinos de la sociedad durante el período 1966-1968. Los integrantes fueron: PRESIDENTE: DR. ALFONSO L. DE GARAY, VICEPRESIDENTE, DR. OSCAR BRAUER, SECRETARIO: BIOL. RAFAEL VILLALOBOS PIETRINI, TESORERO: BIOL. RODOLFO FELIX ESTRADA, VOCALES: ING. FACUNDO BARRIENTOS, DR. ANTONIO VILLASANA e ING. ABEL MUÑOZ.

Durante 8 años se sucedieron cuatro mesas directivas presididas por Alfonso L. de Garay, Víctor Manuel Salceda Sacanelles, Rafael Trujillo y Alfonso L. de Garay, respectivamente. En ese tiempo se organizaron conferencias; el 1er Simposio Sobre Mutaciones, que se llevó a cabo en el Colegio de Posgraduados de la Escuela Nacional de Agricultura, en Chapingo; en enero de 1970, se llevó a cabo la Primera Reunión Nacional de Genética que consistió en 5 mesas redondas sobre el tema "La optimización de los ecosistemas en México"; dichas mesas se realizaron en la Facultad de Ciencias de la UNAM, el Centro de Estudios Avanzados del IPN y en el Colegio de Postgraduados de la Escuela Nacional de Agricultura. Asimismo, se organizó la II Reunión Nacional de la Sociedad Mexicana de Genética, que tuvo lugar en marzo de 1974 en la ciudad de Mazatlán, Sinaloa, con la participación de los profesores Theodosius Dobzhansky como presidente honorario, Louis Levine y Ching Chung Li.

A esta efervescencia siguieron 9 años en los que las actividades de la sociedad se suspendieron totalmente y fue hasta 1983 que un grupo de 40 investigadores, miembros de la sociedad, y encabezados por los doctores Rafael Villalobos Pietrini y Angel Kato, promovieron una reunión en la que se decidió hacer la elección de una nueva mesa directiva para el período 1983-1985, la cual quedó conformada de la siguiente manera: PRESIDENTE: DR. RAFAEL VILLALOBOS PIETRINI, VICEPRESIDENTE: DR. ARMANDO GARCÍA, SECRETARIA: M EN C. SARA FRIAS VÁZQUEZ, TESORERO: M. EN C. MARIO ALTAMIRANO LOZANO, VOCALES: DR. MIGUEL BETANCOURT RULE, DR. MANUEL URIBE ALCOCER y DRA. HILDA CASTRO. Fueron años difíciles en los que se organizaron una serie de actividades académicas y la sociedad se convirtió en huésped de las diferentes instituciones de investigación donde laboraban sus agremiados. De esta manera, viajó al Estado de México, sesionando en el auditorio del Centro Nuclear de México, del ININ; en las instalaciones del Centro de Investigación sobre Ingeniería Genética y Biotecnología de la UNAM; en Cuernavaca, Morelos, así como en diferentes instituciones en la Ciudad de México. Fomentando la participación y el reinicio de los trabajos formales, ¡la asociación había vuelto a trabajar! y esto nos permitió tener nuevamente un foro de expresión de nuestros hallazgos y también contar con elementos de crítica a nuestras labores.

Así llegó la sociedad a una nueva elección de Mesa directiva para el período 1985-1987 conformándose como sigue: PRESIDENTE: DR. MANUEL URIBE ALCOCER, VICEPRESIDENTE: DR. JOSÉ MIGUEL BETANCOURT RULE, SECRETARIO: BIOL. MIGUEL ANGEL MENESES PÉREZ, TESORERO: BIOL. CRISTINA GONZÁLEZ TORRES, VOCALES: M. EN C. ROCÍO ORTIZ MUÑOZ y BIOL. BEATRIZ BLANCO IBAÑEZ. Se

realizaron sesiones ordinarias, que continuaron la modalidad itinerante de la mesa anterior. Además, se reanudaron las Reuniones Nacionales que hacía 12 años no se celebraban, así, los días 2 y 3 de octubre de 1986 se realizó la III Reunión Nacional, que se llevó a cabo, en el auditorio Nabor Carrillo de la Unidad de Bibliotecas de Investigación Científica de la UNAM. En octubre de 1987 se celebró la IV Reunión Anual también en el auditorio *Nabor Carrillo* de la Unidad de Bibliotecas de Investigación Científica de la UNAM.

La mesa directiva para el período 1987-1989 se integró de la siguiente forma: PRESIDENTE: DR. JOSÉ MIGUEL BETANCOURT RULE, VICEPRESIDENTA: DRA. SANDRA GÓMEZ ARROYO, SECRETARIO: M. EN C. MARIO ALTAMIRANO LOZANO, TESORERA: BIÓL. REYNA FIERRO PASTRANA VOCALES: DRA. JUDITH GUZMÁN RINCÓN, BIOL. TANIA CARREON VALENCIA, BIOL. RAMÓN CISNEROS BARRIOS. Se continuó con las sesiones ordinarias y se realizaron el 6 y 7 de octubre de 1988 la V Reunión Anual de la Sociedad Mexicana de Genética, que finalmente dio el gran salto y salió a provincia. En esta ocasión, la reunión fue muy eficientemente coordinada por el M. En C. Ernesto Rodríguez Aguilera, y tuvo lugar en La Trinidad, Santa Cruz Tlaxcala. Para 1989, la Sociedad había consolidado y crecido, y fue en estas condiciones que se celebró la llamada Primera Reunión Nacional de la Sociedad, que también se efectuó en La Trinidad, Tlaxcala (en realidad en la etapa previa ya se habían realizado dos reuniones nacionales).

Fue durante esta reunión que se eligió a la mesa directiva que habría de llevar los destinos de la SMG durante el período 1989-1991, la cual estuvo integrada como sigue: PRESIDENTA: DRA. SANDRA GÓMEZ ARROYO, VICEPRESIDENTA: DRA. SARA FRIAS VÁZQUEZ, SECRETARIO: BIOL. MIGUEL ANGEL MENESES PÉREZ, TESORERO: BIOL. ALFREDO DELGADO, VOCALES: DR. LINO DIAZ DE LEÓN, M. EN C. PATRICIA RAMOS MORALES, BIÓL. ELIA ROLDÁN REYES. Esta mesa, además de las sesiones ordinarias del 9 al 11 de octubre de 1990, organizó por primera vez un Congreso Nacional de Genética, bajo los auspicios de la Universidad Autónoma de Tlaxcala. Entre las actividades del congreso, se organizó el primer Concurso de Carteles.

Más tarde, en 1991 se celebró el 2º Congreso Nacional de Genética en la ciudad de Saltillo con el apoyo de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Fue en este congreso cuando por primera vez se realizó el Concurso de Tesis en sus modalidades de licenciatura, maestría y doctorado y se eligió a la mesa directiva para el período 1991-1993, que quedó integrada de la siguiente manera: PRESIDENTA: DRA. SARA FRIAS VÁZQUEZ, VICEPRESIDENTA: DRA. JUDITH GUZMÁN RINCÓN, SECRETARIA: BIOL. BERTA MOLINA ÁLVAREZ, TESORERA: M. EN C. PATRICIA RAMOS MORALES, VOCALES: M. EN C. LETICIA ESCOBEDO, M. EN C. ERNESTO RODRÍGUEZ. En esta ocasión se cristalizó una vieja inquietud que se había manifestado en diferentes momentos y la SMG con la colaboración de los diferentes grupos que la conforman, ofreció en abril de 1992 el primer Curso Teórico-práctico de Citogenética que se llevó a cabo en las aulas de la Facultad de Ciencias de la UNAM.

En junio de 1992 nace el BOLETÍN MENDEL, el segundo intento para comunicar a los miembros de la SMG. Se realizaron sesiones ordinarias y por primera ocasión, un congreso conjunto con la Sociedad Mexicana de Mutagénesis Carcinogénesis y Teratogénesis Ambiental se celebró en la ciudad de Mazatlán, Sinaloa. Del 8 al 11 de marzo de 1993 tuvo lugar el II Curso Teórico Práctico de Citogenética en las instalaciones de la Facultad de Ciencias de la UNAM. El 20 y 21 de septiembre de 1993 se llevó a cabo el Curso Precongreso Bases Moleculares y Celulares de la Herencia, y del 22 al 25 del mismo mes, se llevó a cabo el IV Congreso Nacional de Genética, en la colonial ciudad de Guanajuato.

Como era ya tradicional, se eligió a la nueva mesa directiva para el período 1993-1995 y quedó constituida de la siguiente manera: PRESIDENTA: DRA. JUDITH GUZMÁN RINCÓN, VICEPRESIDENTE: DR. EMILIO ROJAS DEL CASTILLO, SECRETARIA: M. EN C. MA. ÁNGELES AGUILAR SANTAMARÍA, TESORERA: BIOL. BERTA MOLINA ÁLVAREZ/DRA. ROCIO ORTIZ, VOCALES: M. EN C. LETICIA ESCOBEDO, M. EN C. ALFREDO DELGADO, Q. SILVIA ÁVILA FLORES, M. EN C. CUAUHEMOC SÁENZ ROMERO. Continuaron las sesiones ordinarias, del 18 al 22 de abril de 1994 se organizó el III Curso Teórico Práctico de Citogenética, que tuvo lugar en las instalaciones de la UAM Iztapalapa. Del 25 al 30 de septiembre de 1994, se celebraron el XI Congreso Latinoamericano de Genética junto con el III Congreso Latinoamericano de Mutagénesis, Carcinogénesis y Teratogénesis Ambiental así como con los congresos nacionales de la SOMEFI, AMGH, SMG y AMMCTA y se entregaron los premios Karl Ziesl a las mejores tesis de licenciatura, maestría y doctorado.

Durante el año de 1995, del 26 al 30 de junio tuvo lugar el IV Curso Teórico Práctico de Citogenética, en las aulas de la Facultad de Ciencias de la UNAM, en el que se incluyó por primera vez el ensayo cometa que coordinó el Dr. Emilio Rojas. Además, del 13 al 15 de noviembre de 1995, en las instalaciones del Instituto de Ecología se llevó a cabo el Taller, “SMART en *Drosophila*”, con la participación del Dr. Ulrich Graf y el 14 y 15 del mismo mes se celebró el taller “Biología Molecular: de la Doble Hélice al Cometa”, ambos cursos fueron previos al VI Congreso Nacional de Genética, que tuvo lugar del 15 al 18 de noviembre. Estos eventos tuvieron como sede a la pintoresca ciudad de Xalapa. Con el objetivo de reconocer el impacto y la trayectoria que han tenido distinguidos investigadores en el campo, la mesa directiva decidió establecer el Premio a la Investigación en Genética, otorgándose por primera vez esta distinción al Dr. Alfonso L. de Garay, fundador de nuestra sociedad, por la trayectoria científica y el impacto que había representado en el desarrollo y la difusión de la genética en México. Además, se entregaron reconocimientos a los integrantes de todas las mesas directivas anteriores.

También se aprovechó la sesión de negocios para elegir a la mesa por el período 1995-1997, la que quedó conformada como sigue: PRESIDENTE: DR. EMILIO ROJAS DEL CASTILLO, VICEPRESIDENTE: DR. MARIO ALTAMIRANO LOZANO, SECRETARIA: DRA. ROCIO VARGAS SANDERS, TESORERO: M. EN C. ERNESTO RODRÍGUEZ, VOCALES: DR. CARLOS MÁRQUEZ, M. EN C. JULIETA CASTILLO CADENA, DR. FELIZ GUTIÉRREZ, M. EN C. SOCORRO FERNÁNDEZ, DR. ARMANDO RODRÍGUEZ, BIOL. RAMÓN CISNEROS y M. EN C. RAFAEL VALENCIA Del 29 de septiembre al 3 de octubre de 1996 se celebró 4º Congreso Conjunto de las Sociedades Mexicanas de Genética y Toxicología Genética que corresponde al el VII Congreso Nacional de Genética, Este evento tuvo lugar en la ciudad de Aguascalientes, Aguascalientes. Posteriormente, del 28 de septiembre al 2 de octubre de 1997 se celebró en la ciudad de Ensenada, Baja California el VII Congreso Nacional de Genética. Se acordó que el Premio a la Investigación en Genética, instituido en el VI Congreso Nacional de Genética, se cambiara por el Premio al Mérito Genético, con el objeto de hacerlo más amplio; se acordó también que la Sociedad otorgaría este premio cada dos años. En esta ocasión el Premio al Mérito Genético se le otorgó al Dr. Rafael Villalobos Pietrini en reconocimiento a su labor dentro de la investigación, la docencia, la formación de recursos humanos y la gran labor de promoción de la genética en México.

Durante la Sesión de Negocios, se realizó el cambio de mesa directiva para el período 1997-1999 quedando conformada de la siguiente manera: PRESIDENTE: DR. MARIO ALTAMIRANO LOZANO, VICEPRESIDENTA: DRA. PATRICIA RAMOS MORALES, SECRETARIA: M. EN BIS. ELIA ROLDÁN REYES, TESORERA: BIOL. LAURA GÓMEZ LAGUNA, VOCALES: M. EN C. JULIETA CASTILLO CADENA, M. EN C. JUAN CARLOS GAYTÁN OYARZUM, DR. CARLOS MÁRQUEZ BECERRA, M. EN C. ERNESTO RODRÍGUEZ AGUILERA, M. EN C. RAFAEL VALENCIA QUINTANA. Esta mesa como las anteriores, continuó con las sesiones ordinarias, el curso de Citogenética y por supuesto los congresos. Así, del 27 de septiembre al 2 de octubre de 1998 se celebró el 5º Congreso Conjunto de la Sociedad Mexicana de Genética y de la Sociedad Mexicana de Toxicología Genética, en Acapulco, Gro. Además, del 19 al 25 de septiembre de 1999, se llevó a cabo el 6º Congreso de la Sociedad Mexicana de Genética y de la Sociedad Mexicana de Toxicología Genética, en la ciudad de Guadalajara, Jalisco. Se otorgó el Premio al Mérito Genético a los Doctores Sandra Luz Gómez Arroyo y José Miguel Betancourt Rule.

Se eligió a la mesa directiva para el período 1999-2002, quedando organizada como sigue: PRESIDENTA: DRA. PATRICIA RAMOS MORALES. VICEPRESIDENTE: DR. ERNESTO RODRÍGUEZ, SECRETARIA: M. EN C. ADRIANA MUÑOZ, VOCAL: M. EN C. JUAN CARLOS GAYTAN. A esta mesa le tocó organizar del 16 al 21 de octubre de 2000 un magno evento en el que realizaron sus congresos las Sociedades Mexicanas de Genética, de Genética Humana, de Toxicología Genética y de Biología Molecular en Medicina. Este evento se llevó a cabo en la ciudad de Monterrey, NL

Durante la primera sesión ordinaria del año 2002, tuvo lugar la elección de la mesa directiva que estaría en funciones hasta 2003, la cual quedó integrada como sigue: PRESIDENTE DR. ERNESTO RODRÍGUEZ, VICEPRESIDENTA: DRA. ROCIO ORTIZ, SECRETARIO: BIOL. MIGUEL ANGEL MENESES, M. EN C. MA. DEL CARMEN GARCÍA, M. EN C. MA. EUGENIA HERES, TESORERA: M. EN C. MATILDE BREÑA VALLE, VOCALES: M. EN C. MA. DEL CARMEN GARCÍA, M. EN C. SANDRA DÍAZ BARRIGA, M. EN C. ROSA ISELA ALVAREZ, M. EN C. JUAN CARLOS GAYTAN, BIOL. OMAR ARELLANO AGUILAR Del 29 de julio al 2 de agosto de 2002 tuvo lugar el IX Curso Teórico-Práctico de Citogenética, con sede en la Escuela Nacional de Ciencias Biológicas del IPN. Del 24 al 28 de septiembre de 2002 se celebró el 7º. Congreso Nacional de Genética, en esta ocasión en la ciudad de Morelia, Mich. Este Congreso brinda también el foro para otorgar el premio al Mérito Genético con el que fue galardonado el Dr. Manuel Uribe Alcocer. El X curso teórico-práctico de

Citogenética se realizó en la FES Cuautitlán, UNAM, del 30 de junio al 4 de julio de 2003. Del 28 de septiembre al 2 de octubre de 2003 se llevó a cabo en la Universidad Autónoma Benito Juárez de Oaxaca, el 8°. Congreso Nacional de la Sociedad Mexicana de Genética. El evento inició con un taller previo.

Durante este congreso tuvo lugar el cambio de mesa directiva, para el período 2003-2005, la cual quedó integrada de la siguiente forma: PRESIDENTA: DRA. ROCIO ORTIZ, VICEPRESIDENTE, DR. EMILIO PIMENTEL PEÑALOZA, SECRETARIA: BIOL. EXP. LETICIA CORTÉS M., TESORERA: M. EN C. MATILDE BREÑA VALLE, VOCALES: DRA. PATRICIA PÉREZ VERA, M. EN C. ANA ROSA FLORES MÁRQUEZ, M. EN C. LAURA CASTAÑEDA PARTIDA, M. EN C. GUILLERMO BOJÓRQUEZ R., M. EN C. JUAN JOSÉ RODRÍGUEZ M, BIOL. MA. DEL CARMEN MARTÍNEZ.



## INDICE POR AUTORES

### A

Aguilar, M.	30
Aguilar, S.M.A	23,24,25
Aguilar-Salinas, C.	24
Alarcón-Aguilar, F.J.	7
Alejos-Velázquez, L.P.	20
Almanza-Sánchez, L.	2
Almeida, E.	17
Altamirano, M.	26
Altamirano-Lozano M.	5,25,38
Alvarado-Gutiérrez, A.	2
Álvarez Araujo L.	10
Alvarez, D.	17
Álvarez Moya C.	42
Amescua-García, C.	48
Andrade Martínez E.M.	42
Anducho, M.	35
Angeles, E.	26
Arellano-Arenas, E.	24
Arenas, D.	18,28
Arévalo H.A.	42
Argueta, V.	23
Arias-Marín, E.	25

### B

Barbosa-Saldaña, M. L.	32
Bárcenas-Rodríguez, H.V.	8
Barros-Núñez, P.	4
Bautista Hernández D.A.	44
Bautista-Muñoz, C.	21
Becerril-Morelos, E.	13
Betancourt, M.	3
Bocanegra-Astivia, D.	5
Bojórquez, R.G.	27
Bonilla, E.	3
Breña-Valle, M.	30
Brito-Manzano, N.P.	17

### C

Cáceres-Martínez, C.	17,37
Cajero, M.	31
Calderón-Segura, M. E.	33
Camarillo-Chávez M.G.	21
Campos-Contreras, J.E.	14,20
Campos-Montes, G.	14,15
Canizales-Quinteros, S.	23
Carmona-Medero, M. A	4
Carnevale, A.	2,9,18,32,34
Carrillo, E.	3
Carvajal, R.	35
Casares, L.	17
Casiano-Rosas, C	21

Caspeta, M. A.	19
Castañeda-Partida, L.	39
Castañeda-Sortibrán, A.N.	8
Castañeda-Vazquez, H.	47
Castillo Olguin E.	1
Castro Gámez H.	14,15
Castro-H, C.	11
Castro-Rodríguez, E. M.	13
Ceballos, I.	26
Cervantes Ramos C.	41
Chávez-Ocaña, S.	27
Cognato, I. A.	35
Córdova-Orellana, H.	17
Cortés, E.	11,26
Cortés, L.	3
Cortés-Barberena, E.	33,38
Cortés-Martínez, L.	33
Cruces, M.P.	15,16,29
Cruz-Rico, J.	47
Cruz-Vallejo, V.	3
<b>D</b>	
Dávalos-de la Cruz, K. V.	24,25
De La Cruz-Lázaro, E.	17
De La Cruz-Torres, E.	31
Delgado-Rodríguez, A.,	20
Díaz-Barriga, S.	26
Díaz-Jaimes, P.	32,34
Díaz-Vargas, M. E.	23
Domínguez-López, A.	23
Dueñas-García, I. E.	39
Durán-Díaz, A.	39
<b>E</b>	
Esperón-Sumano, E.	4
Espinoza-Velázquez, J.	21
Estrada-Juárez, C.H.	25
Evangelista-Martínez, Z.	29
Espinoza Camacho M.J.	46
Estrada-Botello, M.A.	17
<b>F</b>	
Fernández-Larrea, O.	17
Ferrer, M.	17
Fierro-Pastrana, R.	7
Figuera-Villanueva, L.	4
Flores-Márquez, A.R.	33
Flores-Rojas, G.	25
Fragoso-Herrera, R.	4
Fraire-Velázquez, S.	2
Frias, G.	2
Frías, S.	2,9,18,32,34
Fuentes, J.L	17,37
<b>G</b>	
Galindo-Reyes, J.G.	35
García-Andrade, J.M.	31
García-Chávez, E.	20

García-Cruz, D.	4
García-González, C.	16
García-Jiménez, E.	27
García-López, G.	30
García Martínez V.	36,43
García Niño W.R.	43
Gaytán-Oyarzún, J.C.,	1,9,10
Gómez de la Cruz, L.	33
Gómez, J.L.	26
Gómez-Arroyo, S.	1,33
Gómez-Luna, J.C.	39
Gómez-Olivares, J.L.	25,41
González -Chávez, A.	23
González, A.	23
González, H.	26
González-Jiménez, J.	41
González-Ledesma, L.	9,10
Gordillo- Martínez, A.	1
Gracia-Mora, I.	33,38
Gutiérrez-Huerta, J.P.	41
Guzmán-Rincón, J.	48
<b>H</b>	
Hayes, L.J.	35
Heres-Pulido, M.E.	39
Herrera Bazán J.	36
Hernandez Bernal B.	36,46
Hernández, A.	9
Hernández, F.	3
Hernández-Rodríguez, C.H.	21
<b>I</b>	
Islas Guzmán M.J.	45
<b>J</b>	
Jiménez García, O.	20
Juárez Santacruz L	41
<b>L</b>	
Lagunas-Bernabe, S.	40
Leal, T.B.A.	27
Ledesma-Perez, A.	25
Ledesma Vaca P.	44
Lieberman, E.	28
Llagostera, M.	17
López, B.B.,	12
López-Baños, B.	4
López, C.	31
López-Ordaz, R.	14,15
López-Rocha, L. Z.	39
López Sánchez J.G.	42
Luna, J. J.	33
<b>M</b>	
Macías-Rosales, L.	33,38
Márquez, B.C.	18,27
Martínez, A	28

Martínez-García, M.	14,20
Martínez, S.	31
Martínez-Valenzuela, C.	33
Medina-Lozano, C.	4
Medina-Ruiz, H	11
Mejía, J.	3
Mejía, O.	46
Mendoza, M.	3
Mendoza-Palacios, J. de D.	17
Miliar-García, A	23
Molina, B.	2,9,23,28,32,34
Monroy-Guzmán, A.	23
Monsalvo-Reyes, A.C.	20
Mora-Donjuán, C. A.	35
Morales-Ramírez, P.	3,16
Montero, O.	18
Moreno, I.	16
Muñoz Hernández A	36,44
Muñoz Moya A.	36
<b>N</b>	
Navalón-García, K.	23
Niembro, A.	2,32,34
Núñez-Gutiérrez, I.C.	4
<b>O</b>	
Olvera-Nestor, C	16
Olvera-Quezada, H.	9,10
Ordaz-Téllez, M.G.	8
Ortega, J.	17
Ortiz, M.A.	4,12
Ortiz Ortiz E.	42
Ortiz, R.	11,26
Ortiz-Marttelo, R.	20
Ortiz-Muñiz, A.	25,33,38
Ortiz-Solalinde, C.E.	13
Oviedo-Rodríguez, V.	13
<b>P</b>	
Palomino-Hasbach, G.	31
Paredes, R.	18
Pastrana, L.E.K	12
Pedroza Roldán, C.	10
Pérez González L.C.	42
Perez, P.	28
Pérez-Cruz, E.	9,10
Pérez-Vera, P	18,47
Pimentel, A.E.	15,16,29
Piña, M.C.	24
Polaco, O.J.	46
<b>R</b>	
Ramírez-Hernández, A.	7
Ramírez-Jiménez, S	23
Ramos Morales P.	36,43,44,45,46
Ramos, S.	23
Rebollar-Rodríguez, M.C	27
Reynoso S.M.	42

Riba, L.	23
Ríos Pérez H. A.	44
Rivas Martínez H.	36,45
Rivera, S.	26
Rivera-Castillo, I.	9
Rivera-Luna, R.	2,18,32,34
Robles, F.	31,40
Rodríguez, C.	19
Rodríguez, L.	11,26
Rodríguez, N.	37
Rodríguez-Aguilera, E.	33,38
Rodríguez-Arnaiz, R.	8
Rodríguez-Herrera, S.A	17
Rodríguez-Mercado, J.J.	38
Rodríguez-Reyes, R.	16
Rodríguez-Torres, M.	23
Rogers, D.	24
Romero-García, J.	25
Rosas, C.R.	37
Rosas-Espinosa, E.	13
Rubio, J.	11
Rubluo-Island, A.†	31
Ruiz, E. A.	5,28
Ruiz-Azuara, L.	33,38
<b>S</b>	
Salas, C.	32
Salceda, V.M.	21,29
Salgado-Miranda, C.	40
Sánchez Alarcón J.	41,42
Sánchez, S.	2,34
Sánchez-González, G.	14,15
Sánchez-Lamar, A.	17
Sandoval-Castellanos, E.	34
Santiago, L.	17,37
Santos-Cruz, L.F.	39
Serment-Guerrero, J.	30
Serna Navarrete L.	45
Servín-González, L.	29
Sierra-Martínez, M.	27,47
Sobrino-Figueroa, A.	19,37
Sommerhäuser, J.	47
Soriano, V.E.	40
Soto-Mora, E.S.	20
<b>T</b>	
Talavera-Rojas, M.	40
Tavera, L.	30
Tejeda, A.	24
Téllez, O.	14
Téllez-Aztorga, L.	33,38
Toribio-Escobedo, E.	16
Tusié-Luna, M.T.	23
<b>U</b>	
Ulloa, V.	28
Urbina-Sánchez, I.	24
Uribe-Alcocer, M.	1,32,34

**V**

Valdés, Y.	37
Valencia Quintana R.	41,42
Valladares, A.	18,28
Vallarino-Kelly, T.	3
Vargas G. G.	25
Vázquez, C.	31
Vázquez-Chagoyán, J.C.	40
Vázquez-Montiel, R.F.	14
Vega-Contreras, V.	39
Velasco, L.	9
Velásquez-Juárez, L.	41
Vergara, M.D.	27,47
Villalobos-Pietrini, R.	33,48
Villalón, A.	11
Villa-Tanaca, L.	21

**Z**

Zárate, H.,	26
Zavala-Tapia, O.	10
Zempoalteca Espinosa S.	42
Zschoeck, M.	47
Zúñiga, G.	5,28,35,46