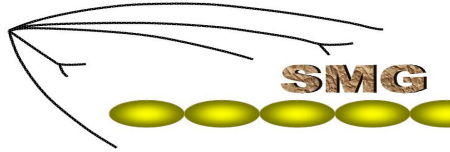


CONTENIDO

Contenido	I
Directorio de la Sociedad Mexicana de Genética	II
Comité Organizador Local	III
Agradecimientos	IV
Instituciones Participantes	V
Programa General	VIII
Resúmenes de Trabajos Libres	1
Índice de Autores	85



Sociedad Mexicana de Genética, A.C.
CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2009

Mesa Directiva 2007-2009

Carlos Márquez Becerra
Presidente
UABC-Ensenada

María Eugenia Heres Pulido
Vicepresidente
UNAM-Iztacala

Edith Cortés Barberena
Secretaria
UAM-Iztapalapa

Irma Dueñas García
Tesorera
UNAM-Iztacala

Vocales:

Regina Rodríguez Reyes
ININ, Edo. de México

César Rodríguez Sánchez
UNAM-CCG-Cuernavaca

Alfredo Delgado Rodríguez
UAT-Tlaxcala

Representantes:

Humberto González Márquez
UAM-Iztapalapa

Socorro Fernández
Universidad Veracruzana

Carmen Martínez
U. de Occidente- Sinaloa

Guillermo Bojórquez Rangel
UACJ-Chihuahua

COMITÉ ORGANIZADOR LOCAL UNIVERSIDAD VERACRUZANA

DRA. MA. DEL SOCORRO FERNÁNDEZ
PRESIDENTA

DRA. BEATRIZ PALMEROS SÁNCHEZ
COORDINADORA

DRA. MA. DEL CARMEN RAMÍREZ BENÍTEZ
TESORERA

DR. JOSÉ ARMANDO LOZADA
VOCAL

BIOL. AARÓN OJEDA JIMENO
COORDINADOR POR EL ÁREA ACADÉMICA DE CIENCIAS BIOLÓGICAS-AGROPECUARIAS

**BIOL. EDGAR ALFONSO RIVERA, BIOL. MONSERRAT MACIAS CARBALLO, OMAR
OLTEHUA LÓPEZ**
COORDINADORES DE EDICIÓN Y DIFUSIÓN

CUERPO ACADÉMICO: BIOLOGÍA DE LA SALUD, FAC. DE BIOLOGÍA - XALAPA
COORDINADOR DE APOYO LOGÍSTICO Y PROMOCIÓN

ANDRADE BULES LUIS JUAN, ARJONA GARCÍA CECILIA, BRAVO BAAS PABLO, CANO
CORTINA MISAEL ALEJANDRO, CARRIZALES RODRÍGUEZ CRISTIAN ALEJANDRO, CASAS
MORENO ARIANA, CATANEO NIETO ANAID MALINALLI, CERECEDO MAZADIEGO JORGE
ALEJANDRO, CRUZ MIRELES NEFTALY DE JESÚS, ESPINOSA GARCÍA VICTORIA ISABEL,
FAUSTINO GONZÁLEZ ELIEL, FIALLO RAMOS FÉLIX, HERNÁNDEZ OLIVEROS ANDRÉS,
LADRÓN DE GUEVARA CALDERÓN DAVID, LAGUNA MORALES ZYgni HUMBERTO,
LÓPEZ HUERTA LAURA ELENA, MEDINA SALAZAR BLANCA ERIKA, OROPEZA ANDRADE
MANUEL, PALAFOX VENDRELL KAREN, PEREA ALARCÓN MARYCRUZ, PÉREZ LINARES
HONORIO, RAMOS GALEANA JOSÉ PABLO, RIVERA LÓPEZ ANAYANI, ROS CUELLAR
JULIA, SEGURA GONZÁLEZ MARÍA FERNANDA, VILLAREAL CHANG ANA KAREN

APOYO LOGÍSTICO

AGRADECIMIENTOS
UNIVERSIDAD VERACRUZANA

DR. RAÚL ARIAS LOVILLO
RECTOR

DR. PORFIRIO CARRILLO CASTILLA
SECRETARIO ACADÉMICO

DR. DOMINGO CANALES ESPINOSA
DIRECTOR GRAL. DEL ÁREA ACADÉMICA DE CIENCIAS BIOLÓGICAS - AGROPECUARIAS

MTRO. HÉCTOR VENANCIO NARAVE FLORES
DIRECTOR DE LA FACULTAD DE BIOLOGÍA REGIÓN XALAPA

INSTITUCIONES PARTICIPANTES

BENEMÉRITA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE PUEBLA

BRIGHAM YOUNG UNIVERSITY

CENTRO DE INVESTIGACIÓN Y DE ESTUDIOS AVANZADOS, IPN

CENTRO DE QUIMICA FARMACEUTICA DE LA HABANA, CUBA

COLEGIO DE ESTUDIOS DE POSGRADO EN LA CIUDAD DE MÉXICO

ECOSUR EL COLEGIO DE LA FRONTERA SUR

EMGS UDEFA SEDENA

HOSPITAL CIVIL "DR. LUIS F. NACHÓN", XALAPA

HOSPITAL GENERAL DE MÉXICO

INSTITUTO DE CIENCIAS DE LA SALUD. UAEH

INSTITUTO DE INVESTIGACIONES EN MATERIALES, UNAM

INSTITUTO MEXICANO DEL SEGURO SOCIAL (IMSS)

INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES NUCLEARES (ININ).

INSTITUTO NACIONAL DE PEDIATRÍA (INP, SS)

INSTITUTO NACIONAL DE REHABILITACIÓN, SS

INSTITUTO POLITECNICO NACIONAL

- CENTRO DE INVESTIGACIÓN Y ESTUDIOS AVANZADOS
- ESCUELA NACIONAL DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
- ESCUELA SUPERIOR DE MEDICINA
- ESCUELA NACIONAL DE MEDICINA Y HOMEOPATÍA DEL IPN

INSTITUTO TECNOLÓGICO DE VERACRUZ

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA

- FACULTAD DE CIENCIAS
- INSTITUTO DE INVESTIGACIONES OCEANOLÓGICAS

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE CIUDAD JUÁREZ

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE CHIHUAHUA

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE COAHUILA
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MÉXICO
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA-IZTAPALAPA
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE PUEBLA
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE SAN LUÍS POTOSÍ
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE TLAXCALA
UNIVERSIDAD DE ALBERTA, CANADÁ
UNIVERSIDAD VERACRUZANA
CENTRO DE INVESTIGACIONES TROPICALES
FACULTAD DE BIOLOGÍA
FACULTAD DE NUTRICIÓN
HOSPITAL ESCUELA DE GINECOLOGÍA Y OBSTETRICIA
INSTITUTO DE CIENCIAS BÁSICAS
UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO (UNAM)

- FACULTAD DE MEDICINA
- INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN BIOMÉDICAS
- CENTRO DE CIENCIAS DE LA ATMÓSFERA
- CENTRO DE CIENCIAS GENÓMICAS, UNAM
- INSTITUTO DE BIOLOGÍA
- FACULTAD DE CIENCIAS.
- FACULTAD DE MEDICINA
- FACULTAD DE QUIMICA
- FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES- IZTACALA
- FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES -CUATLITLÁN
- INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN EN MATERIALES
- INSTITUTO DE FISIOLÓGÍA CELULAR

THOMAS JEFFERSON UNIVERSITY
UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI NAPOLI "FEDERICO II
UNIVERSITY OF CALIFORNIA, RIVERSIDE
UNIVERSITY OF PENNSYLVANIA
UNIVERSITY OF TEXAS

CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2009
“200 Aniversario del Nacimiento de Charles Darwin y 150 Aniversario de *El Origen de las Especies*”

PROGRAMA GENERAL

Martes 6 de octubre

REGISTRO	17:00-19:00
Rompehielos y Ambigú	19:00-21:00

GRUPO ARPEGIOS
Casa del Lago de la Universidad Veracruzana

Miércoles 7 de octubre

REGISTRO	8:00-8:20
-----------------	-----------

INAUGURACIÓN	8:20- 8:50
---------------------	------------

Introducción y Coordinación Dr. Carlos Márquez	8:50-9:00
----------------------------------------------------------	-----------

CONFERENCIA MAGISTRAL 9:00-10:00
BACTERIAS BENÉFICAS DE PLANTAS E INSECTOS: DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA A LA GENÓMICA

Dra. Esperanza Martínez-Romero

Rosenblueth M., Ormeño E., Rosas T., Tabita Puebla S., Sayavedra L., Roth A., López Guerrero M., Toledo I., Díaz Méndez R., Mora J., López López A., Rogel MA., Martínez J.

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES I
Coordinadora: Dra. Sandra Gómez Arroyo

<u>Palomino G.</u> , Soto F., Villaseñor J.L.	10:00-10:20
CONTENIDO DE ADN, NÚMEROS CROMOSÓMICOS Y POLIPLOIDIA EN ASTERACEAE DE LA RESERVA DEL PEDREGAL DE SAN ANGEL, MÉXICO D. F.	O-1

Rodríguez Sánchez C., Romero Camarena D. 10:20-10:40
MUTANTES EN RECOMBINACIÓN (*addAB* y *recF*) EN CONVERSIÓN GÉNICA (CG)
ASOCIADA A COINTEGRACIÓN EN *Rhizobium etli* CFN42. **O-2**

Salamanca-Pinzón G, Camacho-Carranza R, Hernández-Ojeda SL, Frontana-Uribe BA,
Espinosa-Aguirre JJ 10:40-11:00
ACTIVACIÓN MUTAGÉNICA DE COMPUESTOS NITROAROMÁTICOS POR LAS
NITROREDUCTASAS Cnr y SnrA de *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium. **O-3**

RECESO

11:00-11:20

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES II

Coordinadora: Dra. Rocío Ortiz

Araujo-Hernández HP., García-Fajardo LV., Gómez-Ramírez M., Piña-Escobedo A.,
Guarneros-Peña G. y García-Mena J. 11:20-11:40
OPTIMIZACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE GENES HUMANOS EN *Escherichia coli*
O-4

Vivanco-Domínguez, S. Bueno-Martínez, J. León-Avila, G. Zamora-Romo, E. Magos-
Castro, M.A. Kaji, H. Kaji, A. and Guarneros, G. 11:40-12:00
CONTROL DE LA EXPRESION GENETICA: EL PAPEL DE LOS FACTORES DE
TERMINACION (RF1, RF2 Y RF3) Y DE RECICLAMIENTO RIBOSOMAL (RRF) EN EL
RESCATE DE RIBOSOMAS PAUSADOS EN CODONES SENTIDO. **O-5**

Heres-Pulido ME, Dueñas-García IE, Castañeda-Partida L, Santos-Cruz LF, Vega-
Contreras V, Rebollar-Vega R, Gómez-Luna JC, Durán-Díaz A. 12:00-12:20
DAÑO GENOTÓXICO EN *D. melanogaster* ALIMENTADA CRÓNICAMENTE CON
BRÓCOLI ORGÁNICO, NO ORGÁNICO Y TRES MUTÁGENOS **O-6**

Salceda VM. 12:20-12:40
PROPORCIÓN SEXUAL EN TRES POBLACIONES NATURALES DE *Drosophila*
pseudoobscura ORIGINARIAS DE LA PENÍNSULA DE BAJA CALIFORNIA. **O-7**

RECESO

12:40-13:00

Coordinadora: Dra. Socorro Fernández

CONFERENCIA MAGISTRAL

13:00-14:00

IMPACTO DE LA INGENIERÍA GENÉTICA EN LA AGRICULTURA Y LA SALUD HUMANA

Dra. Martha L. Orozco

COMIDA

14:00-16:00

SESIÓN DE CARTELES I

Coordinadores: Dr. César Rodríguez y Dra. Beatriz Palmeros 16:00-18:00

Ma. Eugenia Heres-Pulido, América Nitxin Castañeda-Sortibrán, Beatriz Rodarte-Murguía, Claudia Andrea Segal-Kischinevzky, Irma Elena Dueñas-García, Laura Castañeda-Partida, María Guadalupe Ordaz-Téllez, Rosario Rodríguez-Arnaiz.
DISCOS INTERACTIVOS: ALMACENAMIENTO Y FLUJO DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA **CM-1**

Rodríguez JF, Hawa E, Vázquez A., Pizá P
CROMAGEN: SISTEMA DE EVALUACIÓN DEL DAÑO EN EL ADN **CM-2**

Veana-Hernández F., Gutierrez-Alvarado Y.C., Rodríguez-Herrera R, Aguilar-González C. N. y Reyes-Valdés H.
AMPLIFICACIÓN DEL GEN DE INVERTASA Y EVALUACIÓN DE LA PRODUCCIÓN ENZIMÁTICA EN FERMENTACIÓN EN ESTADO SÓLIDO **CM-3**

Medina-Jiménez K., Flores-Estévez N., Noa- Carrazana J. C., Díaz-Fleischer F., Malo-Rivera E. A.
ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DE RNA MENSAJEROS EN RESPUESTA A HERBIVORÍA DE *Magnolia dealbata* Zucc **CM-4**

Escobar-Saucedo M., Rodríguez-Herrera R., Reyes, A, Cruz Requena M, Aguilar G., C.
GENOTIPIFICACIÓN DE 7 MUTANTES DE MANZANO DE LA VARIEDAD GOLDEN DELICIOUS **CM-5**

Meléndez-Rentería NP, Rodríguez-Herrera R, Aguilar-González CN, Nevárez-Moorillón GV, Silva-Vázquez R
DIVERSIDAD GENÉTICA DE ORÉGANO MEXICANO (*Lippia berlandieri* Schauer) EN EL ESTADO DE CHIHUAHUA UTILIZANDO AFLP's **CM-6**

Martínez J. y Palomino G.
ESTUDIO CROMOSÓMICO Y CONTENIDO DE ADN EN CITOTIPOS DIPLOIDES DE
POBLACIONES SILVESTRES DE *Agave angustifolia* DE SONORA. **CM-7**

Villafán-de la Torre, E; Félix-Durán, F y Bojórquez RG
APLICACIÓN DE MARCADORES ISSR PARA LA DETERMINACIÓN DE LA
VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Echinocactus parryi* (CACTACEAE). **CM-8**

Limón Salvador F.
GENÉTICA DE POBLACIONES DE ZAMIA FURFURACEA L. F. (ZAMIACEAE): UNA
CÍCADA ENDÉMICA AL ESTADO DE VERACRUZ, MÉXICO **CM-9**

Cárdenas JF y Acosta I.
AISLAMIENTO DE *Paecilomyces* sp. RESISTENTE A CROMO (VI) **CM-10**

Flores-Gallegos, A.C. Contreras- Esquivel, J.C., Rodríguez-Herrera R.
AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE CEPAS NATIVAS DEL SUELO MEXICANO
DEL GÉNERO *AZOTOBACTER* **CM-11**

Castillo-Méndez M.A., Jacinto-Loeza E., Trejo-Olivares, J., Guarneros G y Hernández-
Sánchez J.
REGULACION DE LA TRADUCCION POR NUCLEOTIDOS DE ADENINA
CERCANOS AL CODON DE INICIO. **CM-12**

Camargo-Sánchez A.O.; García-Zamora P. B. Altamirano-Bautista, A., Hernández-
Meza, R. y Altamirano-Lozano, M.
EFECTOS DE LA CASIOPEÍNA III-EA EN EL DESARROLLO EMBRIOLÓGICO Y
FETAL EN RATON. **CM-13**

Hernández-Ojeda SL, Rodeiro, I, Camacho-Carranza R, Espinosa-Aguirre JJ
MODULACIÓN DE ENZIMAS DE FASE I DEL METABOLISMO POR EXPOSICIÓN A
VIMANG® (*Mangifera indica* L.). **CM-14**

González EG, Barajas C, Espinosa-Aguirre J J, Camacho-Carranza, R.
POSIBLE PAPEL DEL TRANSPORTADOR ABC DE GLUTAMINA EN LA
RESISTENCIA A NITROFURANTOÍNA EN *SALMONELLA ENTERICA* SEROVAR
TYPHIMURIUM_LT2 **CM-15**

Ronquillo Sánchez M.D, Camacho Carranza R., Hernández Ojeda SL y Espinosa
Aguirre J.J.
MODULACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE GENES DE CITOCROMO P450 (CYP) POR
BIOTINA. **CM-16**

Rivas RR, Stephano JL, Borrego JA, Zecua LM
CUANTIFICACION DE CORTISOL EN SALIVA DE BOVINO COMPARANDO DOS
CONDICIONES DE SACRIFICIO. **CM-17**

Urbina S. I., Aguilar S. M. A., y López-O., G.
ANÁLISIS CITOGÉNÉTICO DE *Peromyscus ochraventer* **CM-18**

Urbina S. I., Aguilar S. M. A., Arellano A. E., González. C. F. y Rogers, S.D
DESCRIPCIÓN DEL CARIOTIPO DE DOS ESPECIES DE *Oryzomys* **CM-19**

Alvarado V. E., Schiavon N. S., Urbina S. I., Aguilar S. M. A., Arellano A. E., González.
C. F. y Rogers, S.D.
DESCRIPCIÓN DEL CARIOTIPO DE *Sigmodon hispidus* **CM-20**

Enciso-Gallegos NE, Martínez-Vázquez J, González-Monroy RM, Alonso-Rodríguez C
ANÁLISIS CARIOTÍPICO DEL RATÓN DE CAMPO *Peromyscus maniculatus* DE
TLAJOMULCO, IXTACAMAXTITLÁN, PUEBLA. **CM-21**

Loeza-Calixto G., Martínez-Vázquez J, González-Monroy RM,
DESCRIPCIÓN CROMOSÓMICA DE *Peromyscus levipes* DE TECALI DE HERRERA,
PUEBLA **CM-22**

Alonso-Rodríguez C., Martínez-Vázquez J, González-Monroy RM, Enciso-Gallegos NE
DESCRIPCIÓN CROMOSÓMICA DE *Peromyscus difficilis* DE TLAJOMULCO DEL
MUNICIPIO DE IXTACAMAXTITLÁN, PUEBLA **CM-23**

Vera RN , Martínez, MA y Bojórquez RG
ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE TRES POBLACIONES DE LA
LAGARTIJA DE COSTADO MANCHADO *Uta stegnejeri* EN EL NORTE DE MEXICO
CM-24

García M.V., Zepeda C.S.
ANÁLISIS CITOGÉNÉTICO DE LÍNEAS TRANSLOCADAS EN
Anastrepha ludens (DIPTERA: TEPHRITIDAE) **CM-25**

Grupo Big-Bang Jazz
Casa del Lago

19:00 horas

Jueves 8 de octubre

REGISTRO

8:00-8:30

SESIÓN DE CELEBRACIÓN: “200 ANIVERSARIO DEL NACIMIENTO DE CHARLES DARWIN Y 150 ANIVERSARIO DE *EL ORIGEN DE LAS ESPECIES*”.

Coordinador: Dr. Rafael Villalobos Pietrini

INTRODUCCIÓN A LA CELEBRACIÓN.

8:30-8:50

Dr. Rafael Villalobos Pietrini

CONFERENCIA

8:50-9:40

DARWIN: CONTRIBUCIÓN AL CONOCIMIENTO DE LA VARIACIÓN Y LA SELECCIÓN DE PLANTAS Y ANIMALES.

Dr. Carlos Márquez

CONFERENCIA

9:40-10:30

CARACTERIZACIÓN DEL GENOMA DE PLANTAS CON IMPORTANCIA EVOLUTIVA, ECONÓMICA O AMENAZADAS DE EXTINCIÓN.

Dra. Guadalupe Palomino

RECESO

10:30-10:50

CONFERENCIA

10:50-11:40

POLIMORFISMO CROMOSÓMICO EN TRES ESPECIES DE *Drosophila* QUE HABITAN MEXICO.

Dr. Víctor M. Salceda

CONFERENCIA

11:40-12:30

GENÉTICA DE LAS POBLACIONES MEXICANAS DE *D. pseudoobscura*.

Dra. Judith Guzmán, V.M. Salceda y O. Olvera.

RECESO

12:30-12:50

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES III

Coordinadora: Dra. Patricia Ramos

Alvarez-Delgadillo A, Sánchez-Hernández M.C., Sánchez-González A. 12:50-13:10
VARIACIÓN MORFOLÓGICA Y GENÉTICA DE DOS ESPECIES DE ENCINOS
DOMINANTES EN EL ESTADO DE HIDALGO, MÉXICO. **O-8**

Sánchez-Hernández MC., Chávez CE., Ramírez-Bautista A. 13:10-13:30
ESTRUCTURA GENÉTICA Y EVOLUTIVA DE UNA ZONA HÍBRIDA DEL COMPLEJO
Sceloporus grammicus (Squamata: Phrynosomatidae) EN HIDALGO **O-9**

Jullian-Montañez AG, Camarena-Rosales F, Ruiz-Campos G. 13:30-13:50
DISTRIBUCIÓN Y MANEJO DE *Tilapia cf. zilli* EN BAJA CALIFORNIA, MÉXICO. **O-10**

Ríos-Pérez HA, Zepeda CSC, Ramos-Morales P, Toledo AJ, Malo EA 13:50-14:10
INDUCCIÓN DE MUTANTES DE *Anastrepha ludens* (LOEW) POR EXPOSICIÓN AL
ETÍL-METANOSULFONATO (EMS). **O-11**

COMIDA 14:10-16:00

PASEO LIBRE EN LA CIUDAD DE XALAPA Y PUEBLOS MAGICOS 16:30-19:30

CENA-BAILE 20:30-12:30

**EN LA CASA DEL LAGO DE LA UV.
ORQUESTA DE SALSA DE LA UNIVERSIDAD VERACRUZANA**

Viernes 9 de octubre

Registro 8:40-9:00

Coordinador: Dr. Mario Altamirano

CONFERENCIA MAGISTRAL 9:00-10:00

LA GENÉTICA DE LOS PLÁSMIDOS *repABC*

Dr. Miguel Ángel Cevallos

Coordinadora: Dra. Beatriz Palmeros

CONFERENCIA MAGISTRAL 10:00-11:00

GENÓMICA EVOLUTIVA

Dr. Antonio Lazcano

RECESO 11:00-11:20

Fotografía de los Participantes 11:20-11:40

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES IV

Coordinadora: M. en C. María Eugenia Heres

Montero-Ruíz O, Alcántara M A, Betancourt M, Juárez R, González-Márquez H, Pérez-Vera P. 11:40-12:00

EXPRESIÓN DE AML1 EN CÉLULAS DE PACIENTES PEDIÁTRICOS CON
DIAGNÓSTICO DE LEUCEMIA AGUDA LINFOBLÁSTICA (LAL). **O-12**

Victoria Campos-Peña, Beatriz Mena-Montes, Rocio Gómez, Francisco Mena-Barranco, Marco Antonio Meraz Rios 12:00-12:20
ANÁLISIS GENÉTICO DE LOS POLIMORFISMOS PRESENTES EN EL COMPLEJO
GAMMA SECRETASA Y SU ASOCIACIÓN CON LA ENFERMEDAD DE ALZHEIMER
EN PACIENTES MEXICANOS. **O-13**

Cortés E., González Márquez H. y Ortiz R. 12:20-12:40
ANÁLISIS POR CITOMETRÍA DE FLUJO DE LA PROLIFERACIÓN CELULAR EN
MÉDULA ÓSEA DE RATAS DE 21 DÍAS DE EDAD. **O-14**

Cordero PNE, Uribe LP y Roldán RE. 12:40-13:00
EVALUACIÓN DE LOS EFECTOS TOXICOLÓGICOS INDUCIDOS POR UN
COMPUESTO DE Cu (Casiopéina Ilgly) DURANTE LAS FASES G1-S Y G2-M
MEDIANTE EL ENSAYO DE MICRONUCLEOS *IN VITRO*. **O-15**

RECESO

13:00-13:20

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES V
Coordinadora: Dra. Patricia Pérez Vera

Ramos-Morales P, Muñoz-Hernández A, Rivas-Martínez H, 13:20-13:40
Hernández- Bernal BR, Muñoz-Moya JA,
EFECTO TÓXICO, GENOTÓXICO Y REPROTÓXICO DEL GLIFOSATO
(AQUAMASTER ©) EN *D. melanogaster* **O-16**

Valencia-Quintana R., Sánchez-Alarcón J., Gómez Olivares J. 13:40-14:00
Waliszewski S.M.
EFECTOS CITOGÉNÉTICOS DE PLAGUICIDAS CARBÁMICOS EN LINFOCITOS
HUMANOS Y CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE LA RAÍZ DE *Vicia faba* **O-17**

González-Lozano CP, Carpizo-Ituarte EJ, Olivares-Bañuelos TN. 14:00-14:20
DIFERENCIACIÓN EN LA RESPUESTA AL ESTRÉS TÉRMICO EN LA POBLACIÓN
DEL INTERMAREAL VS. SUBMAREAL DEL ERIZO MORADO (*Strongylocentrotus*
purpuratus) **O-18**

COMIDA

14:20-16:00

SESIÓN DE CARTELES II

Coordinadores: Dr. César Rodríguez y Dra. Elia Roldán

16:00-18:00

Nava-Vargas LA, Corona L, Torres M.

PROMOCIÓN DE ACTIVIDAD MUTAGÉNICA EN PLANTAS DE TRATAMIENTO DE AGUA RESIDUAL **CV-26**

Mauricio RM y Bojórquez RG

EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE AGUAS TRATADAS EN PLANTAS MUNICIPALES EN CIUDAD JUÁREZ, CHIHUAHUA MEDIANTE ANÁLISIS DE MICRONÚCLEOS EN *Vicia faba*. **CV-27**

Arcega, A. M, Pulido, F. G., Monks, S. W., Gordillo, M, A. y J.C, Gaytán.

EVALUACIÓN DEL EFECTO DEL pH SOBRE LA TERATOGENICIDAD DEL CLORURO DE MERCURIO (HgCl₂) EN EMBRIONES DE PEZ CEBRA A TRAVÉS DE LA PRUEBA *Danio rerio* Teratology Assay (DarTa). **CV-28**

Juárez S. L, Gaytán O. JC, García NE, Vázquez RGA y Coronel OC

EVALUACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD DE SUELOS AGRICOLAS DE TEPETITLA TLAX. **CV-29**

Schiavon N.S, Alvarado V.E., Sodi y Arce D. F., Dávalos de la Cruz, K.V., Aguilar S.M.A., Piña-Barba M.C

CITO Y GENOTOXICIDAD DE ESPONJAS DE COLAGENA **CV-30**

Sánchez TSM, Dávalos CKV, Aguilar SMA, Piña BMC

EFECTO CITOTÓXICO DE LA ALEACIÓN CrCoMo **CV-31**

Flores-Márquez A.R., Cortés-Eslava J., Gómez-Arroyo S. y Villalobos-Pietrini R.

*VICIA FAB*A, UN SISTEMA VEGETAL PARA EVALUAR DAÑO AL DNA MEDIANTE ELECTROFORESIS UNICELULAR **CV-32**

Gómez-Arroyo S., Cortés-Eslava J., Flores-Márquez A.R. y Villalobos-Pietrini R

EFECTO GENOTÓXICO DEL INSECTICIDA VOLATÓN EN *VICIA FAB*A DETECTADO MEDIANTE EL ENSAYO COMETA. **CV-33**

García-Rodríguez M. C., Pereyra-Mejía P., Macedo-Evaristo C. y Altamirano-Lozano M.

EFECTOS GENOTÓXICOS DE LOS COMPUESTOS DE CROMO (III Y VI) Y DE LA ACCIÓN DE LA CLOROFILINA SOBRE LA FRECUENCIA DE MICRONÚCLEOS EN RATONES DE LA CEPA CD-1 TRATADOS CON CrO₃ **CV-34**

Hernández-Zamora E, Zavala-Hernández C, Martínez-Murillo C, Arenas-Sordo ML, Téllez Gastelum R, Reyes-Maldonado E

FACTORES DE RIESGO ADQUIRIDOS ASOCIADOS CON TROMBOFILIA PRIMARIA EN PACIENTES MESTIZOS MEXICANOS. **CV-35**

López-Torres D, Ortiz-Muñiz R, Cortés-Barberena E.
ANÁLISIS DE LA ACTIVIDAD DE CASPASAS EN TIMOCITOS DE RATAS DESNUTRIDAS POR CITOMETRÍA DE FLUJO. **CV-36**

Cervantes RE, Rodríguez CL, Konigsberg FM, Graniel GJ y Ortiz MR.
ANÁLISIS DEL DAÑO OXIDATIVO Y FORMACIÓN DE MICRONÚCLEOS EN NIÑOS CON INFECCIÓN Y DESNUTRICIÓN MODERADA. **CV-37**

García-Segura L, Fragoso-Antonio S, Serrano-Núñez G, Martínez-Rodríguez L, Morales-González JA, Madrigal-Santillán E, Cariño-Cortes R
CAPACIDAD PROTECTORA DEL LICOPENO SOBRE LA GENOTOXICIDAD Y CITOTOXICIDAD DEL BENZOPIRENO EVALUADA MEDIANTE LA TÉCNICA DE MICRONÚCLEOS. **CV-38**

Cortés-Eslava J., Ojeda Z.PM., Saldívar M.G., Gómez-Arroyo S., Villalobos-Pietrini R
ACTIVIDAD ANTIGENOTÓXICA DEL KIWI (*ACTINIDIA CHINENSIS*) FRENTE A MUTÁGENOS AMBIENTALES **CV-39**

Coballase-Urrutia E, Pedraza-Chaverri J, Cardenas N, Huerta B, García M, Morales R, Sanchez C, Martínez R, Camacho-Carranza R, Espinosa-Aguirre JJ.
EFECTO HEPATOPROTECTOR Y ANTIOXIDANTE DE LOS EXTRACTOS ACETONICO Y METANOLICO DE *Heteroteca inuloides* EN UN MODELO IN VIVO DE HEPATOXIOCIDAD CON TETRACLORURO DE CARBONO. **CV-40**

Olquin-Reyes,S.R., Flores-Torres, M, Alvarez-Gonzalez, I., Mojica, R., Madrigal-Bujaidar, E. , Espinosa-Aguirre, J.J.
EFECTO ANTIGENOTÓXICO DEL JUGO DE TORONJA SOBRE EL BENZO[a]PIRENO Y SU POSIBLE RELACION CON LA INHIBICIÓN DEL CITOCROMO P450 **CV-41**

García-Melo LF, Peña-Preciado I, Melo Adán, Morales-González JA, Madrigal-Santillán E, Valadez-Vega MC, Hernández-Ceruelos A.
EFECTO ANTIGENOTÓXICO DEL JUGO DE TUNA CONTRA EL DAÑO PRODUCIDO POR EL METIL METANOSULFONATO. **CV-42**

Rivera-León EA, Ramírez-Benitez MC, Palmeros-Sánchez B, Fernández MS
ESTUDIOS *IN VIVO* E *IN VITRO* DEL EFECTO GENOTÓXICO DEL GLIFOSATO (N-FOSFONOMETIL GLICINA) EN DIFERENTES ORGANISMOS **CV-43**

Felipe RM, Altamirano LMA y Rodríguez MJJ
EVALUACIÓN DE LOS INTERCAMBIOS DE CROMÁTIDAS HERMANAS, ÍNDICE DE REPLICACIÓN E ÍNDICE MITÓTICO EN LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS *IN VITRO* CON ACETATO DE TALIO. **CV-44**

Romero GE, Muñoz-Ocotero V, Ordaz- Téllez MG , Rodríguez-Arnaiz R.
EL ORÉGANO CIMARRÓN (*Poliomintha longiflora*) NO ES GENOTÓXICO EN EL
ENSAYO DE MUTACIÓN SOMÁTICA Y RECOMBINACIÓN MITÓTICA (SMART) EN
LAS ALAS DE *Drosophila melanogaster* **CV-45**

Peraza-Vega RI., Ordaz-Téllez MG, Rodríguez-Arnaiz R.
EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE *Tecoma stans* EN EL ENSAYO DE
MUTACIÓN Y RECOMBINACIÓN SOMÁTICA (SMART) EN CÉLULAS DE LAS ALAS
DE *Drosophila melanogaster*. **CV-46**

Muñoz-Hernández A, Ramos-Morales P
ÍNDICE DE SOBREVIVENCIA Y DE FERTILIDAD COMO INDICADORES DE
ACTIVIDAD GENOTÓXICA EN *Drosophila melanogaster* **CV-47**

Valencia AC, Morán J, Camacho-Carranza R, Espinosa-Aguirre JJ
ESTUDIO DE LA INDUCCIÓN DE CYP2E1 EN CÉLULAS GRANULARES DE
CEREBELO. **CV-48**

Serrano-Carbonell N, Prospero-García O, Valencia-Olvera AC, Coballase-Urrutia E,
Camacho-Carranza R y Espinosa-Aguirre JJ.
INFLUENCIA DE LA PRIVACIÓN DE SUEÑO DE MOVIMIENTOS OCULARES
RÁPIDOS (MOR) SOBRE EL CITOCROMO P450 Y EL ESTADO OXIDATIVO
HEPÁTICO EN LA RATA. **CV-49**

Schiavon N. S., Alvarado V. E., Urbina S. I., Aguilar S. M. A., Arellano A. E., González.
C. F. y Rogers, S.D.
DESCRIPCIÓN DEL CARIOTIPO DE *Liomys irroratus* y *Liomys pictus* **CV-50**

Urbina S. I., Aguilar S. M. A., Arellano A. E., González. C. F. y Rogers, S.D.
ESTUDIO CITOTAXONÓMICO DE *Reithrodontomys megalotis* **CV-51**

González-Monroy RM, Serrano-Gómez FJP, Martínez-Vázquez J.
CROMOSOMAS DEL RATÓN DE ABAZONES *Liomys irroratus* DE SAN SALVADOR
ATOYATEMPAN, PUEBLA **CV-52**

Martínez-Vázquez J, Martínez-Jiménez CE, González-Monroy RM.
ANÁLISIS CROMOSÓMICO DE *Peromyscus melanophrys* DE SAN JOSÉ
GUERRERO, SAN JUAN ATENCO, PUEBLA **CV-53**

Herrera-Lee, RG, Verdalet-Guzmán, I, Nakano, N, Ozimek, L, Galindo-Benítez, R,
Navarrete-Munguía, A, Angulo-Guerrero, JO, Silva-Hernández, ER
DISEÑO DE UNA ESCALA HEDÓNICA BASADA EN LAS EXPRESIONES FACIALES
Y CORPORALES DE BEBÉS QUE PUDIERA ESTAR RELACIONADA CON EL GEN
RECEPTOR hTAS2R38. **CV-54**

Martínez Martínez E. de J. Serment Guerrero J. y Breña Valle M.
EVALUACIÓN DE RUPTURAS DE DOBLE BANDA EN EL ADN CAUSADAS POR
RADIACIÓN GAMMA EN MUTANTES DE *Escherichia coli* CON DIFERENTES
CAPACIDADES DE REPARACIÓN. **CV-55**

López-Ramírez F, Ramos-Fernández A, Flores-Estévez N, Noa-Carrazana J.C
CARACTERIZACIÓN MOLÉCULAR DE LA REGIÓN ITS DEL BASIDIOMICETO
AMANITA MUSCARIA HOOK. 1797 ASOCIADA EN *ABIES RELIGIOSA* KUNTH
SCHLTDL. ET CHAM. EN EL COFRE DE PEROTE, VERACRUZ. **CV-56**

González LB, Escobar JE, Rodríguez-Torres A, Berumen LC, García-Alcocer G.
EFECTOS DEL ANTIOXIDANTE ALFA TOCOFEROL DURANTE LA NEURULACIÓN EN
EMBRIONES DE POLLO. **CV-57**

Cortés-Eslava J., Alvarez D., Gómez-Arroyo S., Villalobos-Pietrini R.
POTENCIAL ANTIMUTAGÉNICO DEL JUGO DE TUNA SOBRE LOS METABOLITOS
DE UN INSECTICIDA Y UNA AMINA AROMÁTICA. **CV-58**

RECESO 18:00-18:20

SESIÓN DE SOCIOS DE LA SMG 18:20-19:20

CONCIERTO DE LA ORQUESTA SINFÓNICA DE XALAPA (Pases de Cortesía)
TEATRO DEL ESTADO DE VERACRUZ, SALA "EMILIO CARBALLIDO" 20:00

Sábado 10 de Octubre

Coordinadora: Dra. María del Carmen Ramírez

CONFERENCIA MAGISTRAL 9:00-10:00
ANÁLISIS EN SÍLICO DE LA REGULACIÓN DE LA FLORACIÓN
Dr. Javier Narváez-Vásquez

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES VI
Coordinador: Dr. Miguel Betancourt

Uribe LP, Cordero PNE y Roldán RE. 10:00-10:20
ESTUDIO DE LA MUERTE CELULAR Y DAÑO GENOTÓXICO INDUCIDOS
IN VITRO POR UN NUEVO COMPUESTO DE COBRE (Casiopéina Igly) **O-19**

Ramos-Frías J. Sánchez-Hernández M. C., Rojas-Martínez A. 10:20-10:40
Álvarez-Delgadillo A.
ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Leptonycteris yerbabuena*
(MAMMALIA: CHIRÓPTERA) EN POBLACIONES DEL CENTRO DE MÉXICO. **O-20**

Hernández-Hernández, J.R., Andrade-Vallejo, A. Coria-Juárez, J., 10:40-11:00
Revueltas-Miranda M.E., Díaz Barriga-Arceo, S
EL ABP COMO APOYO Y MEJORA DE LAS HABILIDADES DEL PENSAMIENTO
UTILIZANDO EL MODELO BIOLÓGICO *Drosophila melanogaster* EN LA FES –
CUAUTITLÁN DE LA UNAM. **O-21**

RECESO 11:00-11:20

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES VII

Coordinador: Dr. Juan Carlos Gaytán

Hernández-Zamora E, Zavala-Hernández C, Martínez-Murillo C, 11:20-11:40
Téllez Gastelum R, Arenas-Sordo ML, González-Orozco AE, Reyes-Maldonado E.
ASOCIACIÓN DE LA RPCA CON LA PRESENCIA DE LAS MUTACIONES LEIDEN Y
CAMBRIDGE DEL FACTOR V DE LA COAGULACIÓN EN PACIENTES MEXICANOS
CON TROMBOFILIA PRIMARIA. **O-22**

Cubillas C.A. y García-de los Santos A. 11:40-12:00
CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE GENES REQUERIDOS PARA LA
RESISTENCIA A NÍQUEL EN *Rhizobium etli* CFN42. **O-23**

Lozada-García J.A., Fernández M.S., Vázquez-Torres M.S., 12:00-12:20
De Castro O., De Luca P.
IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE *PLATANUS*
L. MEDIANTE EL ANÁLISIS COMPARATIVO DEL ESPACIADOR INTERNO
TRANSCRITO ITS 1. **O-24**

PREMIACIÓN Y CLAUSURA 12:20-12:50

Miércoles 7 de octubre

CONFERENCIA MAGISTRAL

BACTERIAS BENÉFICAS DE PLANTAS E INSECTOS: DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA A LA GENÓMICA

Esperanza Martínez-Romero, Mónica Rosenblueth, Ernesto Ormeño, Tania Rosas, Shamayin Tabita Puebla, Lisbeth Sayavedra, Alexandra Roth, Martha López Guerrero, Ivonne Toledo, Rafael Díaz Mendez, J. Mora, Aline López López, Marco A. Rogel, Julio Martínez.

Centro de Ciencias Genómicas, UNAM. Cuernavaca, Morelos, México.

En la naturaleza los seres vivos se encuentran en convivencia constante con bacterias algunas de las cuales son benéficas y esenciales para el desarrollo de insectos, de humanos o para el crecimiento de las plantas. En mi laboratorio durante muchos años hemos estudiado bacterias asociadas a plantas y más recientemente a insectos. El estudio de simbioses de plantas del género *Rhizobium* y otros relacionados, ha permitido la generación de biofertilizantes y su uso como inoculantes en la agricultura sustituye fertilizantes químicos nitrogenados con ahorros económicos sustanciales. Estamos utilizando estas bacterias como biofertilizante en milpas de comunidades indígenas popolucas en los Tuxtlas, Veracruz, tanto para inoculación de maíz como de frijol y en la estación de la UNAM en la cuenca del Río Tembembe en Morelos en proyectos de reforestación con árboles de leguminosas. Destaca la gran riqueza en diversidad genética de estas bacterias de México y hemos propuesto nuevas especies basadas en secuencias de genes ribosomales, del metabolismo y genes simbióticos como marcadores moleculares, análisis filogenéticos e hibridación DNA-DNA y otras características. Una de las especies que describimos, *R. tropici* CIAT899 es altamente resistente a estreses abióticos como acidez, altas temperaturas, metales pesados, antibióticos y fungicidas que se utilizan en las semillas y en campos agrícolas además *R. tropici* CIAT899 inhibe el crecimiento de algunos hongos patógenos del frijol. Obtuvimos la secuencia nucleotídica del genoma de CIAT899 y hemos identificado genes que pudieran estar relacionados con resistencia a antibióticos y a otros estreses. Es de nuestro interés investigar los mecanismos moleculares de la inhibición de hongos.

Por otro lado elegimos estudiar los simbioses de dos insectos de interés en México: la cochinilla del nopal que produce el carmín y el nuij utilizado en Chiapas para producir laca que se utiliza en la producción de artesanías. En ambas identificamos bacterias relacionadas con endosimbiontes de insectos. No se conoce nada sobre el papel funcional de estas bacterias en los hospederos y no es posible cultivar estas bacterias en medios comunes en el laboratorio. Mediante la secuencia de los genes ribosomales de endosimbiontes de varias especies de insectos escama (a los que pertenece el nuij) hemos identificado flavobacterias mientras que en la mayoría de cochinillas de los nopales (*Opuntia*) identificamos una beta Proto bacteria relacionada

con *Azoarcus*, bacteria endófitas del arroz y otros pastos. Los enfoques genómicos han permitido generar avances sustanciales en el estudio de endosimbiontes de insectos. Una de las características más relevantes de los genomas de los endosimbiontes de insectos es que son muy pequeños en comparación con los de las bacterias de vida libre. Al parecer solo han persistido los genes que tienen un papel para la vida intracelular de la bacteria y para la interacción con el hospedero. Hemos estimado mediante pulse field electrophoresis que el tamaño del genoma de la flavobacteria del niij es de aproximadamente 400 pb, menor que un plásmido de *Rhizobium*! Su presencia en los huevecillos de los insectos nos hace suponer que estas bacterias son los endosimbiontes primarios con una relación antigua con estos insectos.

Tanto *Rhizobium* como los endosimbiontes de insectos son bacterias intracelulares en sus hospederos, *Rhizobium* transfiere a la planta amonio y aminoácidos y los endosimbiontes también proveen de aminoácidos a los insectos. El genoma parcial de la flavobacteria del niij nos ha permitido identificar rutas de biosíntesis de aminoácidos. Las bases de las simbiosis en plantas e insectos parecen ser nutricionales y en ambos casos compensan las limitaciones de nitrógeno o de nutrientes. Existen analogías en las simbiosis de plantas e insectos, por lo que consideramos que el estudio paralelo de estos procesos es enriquecedor.

Agradecimientos

Al donativo de PAPIIT- UNAM IN200709 y del GEF PNUMA, TSBF-CIAT.

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES I

CONTENIDO DE ADN, NÚMEROS CROMOSÓMICOS Y POLIPLOIDIA EN ASTERACEAE DE LA RESERVA DEL PEDREGAL DE SAN ANGEL, MÉXICO, D.F.

¹Palomino G., ¹Soto F., ²Villaseñor J.L. ¹Laboratorio de Citogenética, Jardín Botánico, Instituto de Biología, UNAM. ²Departamento de Botánica, Instituto de Biología, UNAM. palomino@ibiologia.unam.mx

Se evaluó la importancia de la poliploidía en las Asteraceae de la Reserva Ecológica del Pedregal de San Angel (REPSA), estimando el porcentaje de especies poliploides en base a sus números cromosómicos y contenido de ADN. Los conteos cromosómicos gaméticos n se obtuvieron en CMP teñidas con propiono-orceína; los $2n$ en meristemos radiculares de semillas germinadas, tratados con 8-Hidroxiquinoleína 0.002 M por 6 horas a 18° C; se hidrolizaron en HCl 1N y se tiñeron con Feulgen. El contenido de ADN (tamaño del genoma en pg) y su composición en Mpb (millones de pares de bases), se obtuvo con un citómetro de flujo Partec CA. Los núcleos de paréquima foliar de las plantas se aislaron con buffers y se tiñeron con yoduro de propidio. El tamaño del genoma de asteráceas se calculó utilizando las siguientes especies de referencia: *Lycopersicon esculentum*, 2C de ADN=1.96 pg; *Zea mays*, 2C de ADN =5.43 pg y *Pisum sativum*, 2C de ADN=9.09 pg. De 73 especies de asteráceas, se obtuvo el número cromosómico y contenido de ADN de 25, incluyendo 2 especies endémicas: *Acourtia cordata* (n=27; 2C de ADN=5.76 pg) y *Viguiera buddleiiformis* (n=17; 2C de

ADN=3.41 pg). Integrando los números cromosómicos obtenidos y publicados en la literatura, se evaluó la poliploidía en 65 especies, considerando poliploides las que mostraban $n \geq 14$; se obtuvo que el 52.1% fueron poliploides. *Ageratina petiolaris* (n=17; 2C de ADN=3.14 pg), *Dahlia coccinea* (n=16; 2C de ADN=4.73 pg), *Dahlia sorensenii* (n=32; 2C de ADN=8.55 pg), *Lagascea rigida* (n=17; 2C de ADN=6.47 pg), *Montanoa tomentosa* (n=19; 2C de ADN=5.91 pg), *Pittocaulon praecox* (n=30; 2C de ADN=17.18 pg) y *Verbesina virgata* (n=17; 2C de ADN= 3.15 pg), presentaron números cromosómicos haploides altos y números básicos secundarios derivados por poliploidía. Estos números sugieren que debido a poliploidía estas especies tuvieron mayor capacidad para colonizar nuevos hábitats. En la REPSA se han conjuntado factores biológicos y biogeográficos que favorecen la presencia de una flora muy diversa y única en su género. La presencia de poliploidía en especies de asteráceas, ha contribuido de manera importante en la colonización y establecimiento de la flora del Pedregal de San Angel.

MUTANTES EN RECOMBINACIÓN (*addAB* y *recF*) EN CONVERSIÓN GÉNICA (CG) ASOCIADA A COINTEGRACIÓN EN *Rhizobium etli* CFN42.
César Rodríguez Sánchez y David Romero Camarena.

Programa de Ingeniería Genómica, Centro de Ciencias Genómicas, UNAM, Apdo. Postal 565-A, Cuernavaca, Morelos, México. tel: 777 317-58-67.
cesar@ccg.unam.mx y dromero@ccg.unam.mx

R. etli CFN42 posee un cromosoma y seis plásmidos (pa, pb, pc, pd = pSim, pe y pf). El pSim tiene tres reiteraciones de los genes *nifH* los cuales participan en eventos de recombinación dependientes del gen *recA* como son: amplificación, delección, integración, inversión y CG. Santoyo, et al (1) diseñaron un sistema basado en la formación de un cointegrado entre el gen *nifH* del plásmido pJGus28 y el gen *nifH* del pSim deletado (*nif-nif*), que permitió aislar los eventos de CG asociados con los entrecruzamientos y recuperar todos los productos de recombinación. En este trabajo analizamos la participación de los genes *addAB*, *recF* y la doble mutante *recFaddAB* que participan al inicio de la recombinación.

Con la metodología empleada con RER (2) se construyeron las cepas con el pSim deletado de *R.etli* CE3*addAB*, CE3*recF* y CE3*recFaddAB*. Se hicieron 10 cruces independientes con el plásmido pJGus28 que tiene el sistema para evaluar CG en cada una de las cepas y mediante la estrategia experimental empleada por Santoyo et al (1) se analizaron las convertantes. En la CE3*addAB* el evento de CG asociada a cointegración se presentó en 83% y los tipos de tractos obtenidos fueron: 64% continuos, 6% discontinuos y 13% bipolares. La longitud promedio de los tractos continuos fue de 319 pb y la ganancia de sitios durante el evento de CG ocurrió en un 71%. Al comparar la cepa silvestre CE3 (3) vs CE3*addAB*, se observó una disminución en la moda de los tractos continuos de 400-600pb a 150pb en la cepa mutante, además la presencia de los tractos discontinuos disminuyó del 22% al 6%, respectivamente. Los demás parámetros tienen valores similares entre ambas cepas.

Se tienen analizadas 21 convertantes para la CE3recF y 11 de la CE3recFaddAB, estamos en proceso de completar el análisis para poder establecer la contribución de los genes que participan al inicio de la recombinación en CG.

1. Santoyo, G., Martínez-Salazar, J.M., Rodríguez, C and D. Romero (2005). "Gene conversion tracts associated with crossovers in *Rhizobium etli* " J.of Bacteriology 187(12) : 4116 – 4126.
2. Valencia-Morales, E. y D. Romero. 2000. Recombination Enhancement by Replication (RER) in *Rhizobium etli*. Genetics 154: 971-983.
3. Castellanos, M y D. Romero. 2009. The extent of migration of the Holliday junction is a crucial factor for gene conversion in *Rhizobium etli* " J.of Bacteriology 191(15) : 4987 – 4995.

ACTIVACIÓN MUTAGÉNICA DE COMPUESTOS NITROAROMÁTICOS POR LAS NITROREDUCTASAS Cnr y SnrA de *Salmonella entérica* Serovar Typhimurium.

Salamanca-Pinzón G^a, Camacho-Carranza R^a, Hernández-Ojeda SL^a, Frontana-Uribe BA^b, Espinosa-Aguirre JJ^a.

^aInstituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM; ^bCentro de Investigación en Química Sustentable Universidad Autónoma del Estado de Mexico-UNAM

Las nitroreductasas bacterianas insensibles al oxígeno, catalizan la reducción de varios nitrocompuestos y quinonas. Las proteínas SnrA y cnr, son las dos nitroreductasas identificadas en *Salmonella entérica* serovar Typhimurium; ambas proteínas reducen varios nitrocompuestos ambientales que presentan actividad mutagénica en varios ensayos de genotoxicidad. SnrA y cnr comparten solamente un 10% en su secuencia de aminoácidos, sin embargo, aparentemente realizan la misma actividad enzimática y los sustratos sobre los que actúan son similares. ¿Porqué coexisten dos proteínas con la misma función? Una posible respuesta es que posean diferente afinidad por sustratos comunes. En este trabajo exploramos la capacidad de SnrA y cnr para metabolizar diferentes nitrocompuestos en productos mutagénicos detectables mediante la prueba de Ames en *S. typhimurium*. Los resultados obtenidos muestran que SnrA y cnr son capaces de activar con la misma eficiencia a los compuestos: 2-nitrofluoreno, 2,7-dinitrofluoreno, 1,6-dinitropireno y 1,3-dinitropireno. Por otro lado, el 1-nitropireno presentó una mayor mutagenicidad cuando fue activado por cnr mientras que el 1,8-dinitropireno fue débilmente activado por ambas nitroreductasas. La potencia mutagénica de los nitrocompuestos obtenida en presencia de ambas nitroreductasas correlaciona con el potencial redox de los mismos, lo que indica que la mutagenicidad de los compuestos depende de su capacidad de aceptar electrones para su reducción. Los datos obtenidos con el 1-nitropireno son evidencia de que puede existir diferente afinidad por un sustrato entre las dos nitroreductasas y podría explicar la presencia de ambas en un mismo organismo. Resultados adicionales respecto a algunos parámetros bioquímicos como Vmax y Km obtenidos con varias quinonas, apoyan la noción de que SnrA y cnr poseen diferente afinidad por sustratos comunes.

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES II

OPTIMIZACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE GENES HUMANOS EN *Escherichia coli*

Araujo-Hernández HP., García-Fajardo LV., Gómez-Ramírez M., Piña-Escobedo A.,
Guarneros-Peña G. y García-Mena J. jgmena@cinvestav.mx
Departamento de Genética y Biología Molecular. Centro de Investigación y de Estudios
Avanzados del IPN, Unidad Zacatenco. México DF 07360.

Introducción La expresión de proteínas eucarióticas en organismos procariotas tales como *Escherichia coli*, es muy útil porque proporciona un sistema más conveniente para el estudio de muchas propiedades funcionales de una proteína. La enzima humana Polinucleótido Fosforilasa (hPNPasa) de 783 aa (ca. 86 kDa), es codificada por el gen *old-35* y su función está relacionada con el decremento en la proliferación y la inducción de la diferenciación de células cancerosas como el melanoma (HO-1), cuando la expresión gen *old-35* es inducida por interferón tipo Iβ.

Objetivo El objetivo de este trabajo es la clonación en un vector procariótico y la expresión eficiente de la enzima hPNPasa en *Escherichia coli*.

Métodos El gen *old-35* se amplificó de un vector conteniendo una clona de cDNA de expresión de humano por PCR específico dirigido a conservar el *cistron* de la enzima para clonación en un vector procariótico ColE1 *ori*. La expresión del gen en la bacteria fue evaluada por western-blot utilizando anticuerpos policlonales específicos. Para la búsqueda de codones de bajo uso de frecuencia se utilizó el software "Rare Codons Search" (http://www.bioline.com/calculator/01_11.html).

Resultados Luego de la clonación y análisis no se observó una expresión eficiente de la hPNPasa en la bacteria. Una inspección *in silico* permitió determinar que esto se debía a la presencia de varios codones en pares en el gen eucariótico para arginina, prolina e isoleucina que son de baja frecuencia de uso en bacteria. Para solucionar este problema se introdujeron una serie de mutaciones silenciosas en estos codones observándose una mejoría en la expresión de la enzima, como resultado una mejor eficiencia en la traducción de la proteína eucariótica en un sistema procariótico.

Conclusiones Las conclusiones de éste trabajo indican que la localización de los codones y sus naturaleza reducen la expresión de la enzima hPNPasa en la bacteria por un mecanismo aún no claro.

CONTROL DE LA EXPRESION GENETICA: EL PAPEL DE LOS FACTORES DE TERMINACION (RF1, RF2 Y RF3) Y DE RECICLAMIENTO RIBOSOMAL (RRF) EN EL RESCATE DE RIBOSOMAS PAUSADOS EN CODONES SENTIDO.

¹Vivanco-Domínguez, S. ¹Bueno-Martínez, J. ²León-Avila, G. ¹Zamora-Romo, E.
¹Magos-Castro, M.A. ³Kaji, H. ⁴Kaji, A. and ¹Guarneros, G. (¹Dept. de Genética y
Biología Molecular, CINVESTAV. ²ENCB-IPN, Dept. de Parasitología. ³Dept. of
Biochemistry and Molecular Biology, Thomas Jefferson University and ⁴Dept. of
Microbiology, School of Medicine, University of Pennsylvania, Philadelphia).
gguarner@cinvestav.mx

En bacterias, la traducción finaliza cuando el ribosoma alcanza el codón de terminación, la proteína terminada es liberada y la maquinaria traduccional disociada en sub unidades ribosomales, mRNA y el último tRNA utilizado. Este proceso de reciclamiento involucra los factores RF1, RF2, RF3, RRF y EF-G. Por distintas razones, los ribosomas detienen su marcha antes de alcanzar el codón de terminación afectando negativamente la síntesis de proteínas. Para entender las reglas que afectan la síntesis de proteínas analizamos el efecto de pares de codones (en las posiciones +2 y +3) en la expresión del gen *lacZ*. Los resultados indican que la composición de nucleótidos de los codones +2 y +3 es un factor dominante en la eficiencia de traducción. Además, identificamos que los codones que disminuyen la expresión genética pausan a los ribosomas en traducción, permitiendo que el peptidil-tRNA (p-tRNA) sea liberado prematuramente del ribosoma (drop-off). El p-tRNA liberado se acumula en bacterias deficientes en peptidil-tRNA hidrolasa (Pth), una enzima que hidroliza el p-tRNA libre de ribosomas. La acumulación del p-tRNA disminuye la tasa de tRNA libre necesario para la traducción. En seguida, preguntamos ¿Qué moléculas liberan el p-tRNA de ribosomas pausados en codones sentido?. Para esto, construimos mutantes en los genes que expresan RF1, RF2, RF3 y RRF y analizamos su contribución para liberar ribosomas. Encontramos que bajo la limitación de cada factor, el p-tRNA permanece asociado a ribosomas indicando que los factores analizados disocian el p-tRNA de los ribosomas. Adicionalmente, la pausa del ribosoma está acompañada de la acumulación de un fragmento del extremo 5' del mRNA, presumiblemente protegido por el ribosoma. Proponemos que los factores analizados tienen un mecanismo de acción alterno a su papel clásico en la terminación de la traducción. El rescate de ribosomas pausados en codones sentido ocurre en posiciones iniciales e internas del mRNA. Sugerimos que en las posiciones iniciales, cuando el péptido del p-tRNA es pequeño, el p-tRNA es liberado del ribosoma por drop-off o por hidrólisis; mientras que en las posiciones internas, donde el péptido del p-tRNA es mayor de 100 aminoácidos, sólo puede liberarse por hidrólisis.

DAÑO GENOTÓXICO EN *D. melanogaster* ALIMENTADA CRÓNICAMENTE CON BRÓCOLI ORGÁNICO, NO ORGÁNICO Y TRES MUTÁGENOS

Heres-Pulido ME^{1,*}, Dueñas-García IE¹, Castañeda-Partida L¹, Santos-Cruz LF¹, Vega-Contreras V¹, Rebollar-Vega R¹, Gómez-Luna JC¹, Durán-Díaz A¹. ¹Genética Toxicológica, Biología, FES Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, 54090 Tlalnepantla, Estado de México, México, Tél-Fax +52(55)56231197, *Correo electrónico: heres@campus.iztacala.unam.mx

Introducción. El consumo del brócoli (*B. oleracea* var *italica*) se relaciona con la prevención del cáncer. Sus componentes pueden tener propiedades antígenotóxicas o genotóxicas lo que depende de numerosos factores, como el metabolismo xenobiótico por los CYP450 (CYPs). La prueba en ala de *D.m* (SMART) usa cepas con CYPs inducibles (*flare*) y altos (Oregon-*flare*) y con ella se evalúa la genotoxicidad de compuestos activados o no por los CYPs. Con el brócoli orgánico (BO) y el brócoli no orgánico (BNO) se evaluaron sus efectos en ausencia y en presencia del promutágeno

uretano (URE), el mutágeno metil metanosulfonato (MMS) y el cancerígeno 4-nitroquinolina-1-óxido (4-NQO). **Metodología.** Agua destilada, Tween®80/etanol 5% (Tw-EtOH), soluciones acuosas de URE (20mM) y MMS (0.5mM) o de 4-NQO (2mM) en Tw-EtOH se añadieron a BO y a BNO liofilizado (100%) o a medio, en tubos de cultivo. Se añadieron larvas de 72 h de las cruza estándar (E) y bioactivación elevada (BE) de SMART en ala que se cultivaron hasta que emergieron los adultos. En las alas se registró (400X) la frecuencia de clones mutantes por tratamiento y cruza. La significancia estadística se obtuvo con el programa SMART para PC y la U de Mann-Whitney-Wilcoxon. **Resultados y discusión.** En ambas cruza, sólo el BO/Tw-EtOH redujo la tasa espontánea de mutación y recombinación; se infiere que el rompimiento de las membranas celulares debe haber liberado los componentes del BO. El BO no modificó el daño por el URE, aumentó el del MMS y moduló el del 4-NQO. El BNO fue más genotóxico que el 4-NQO; se propone que esto se deba a la posible presencia de residuos de plaguicidas. El BNO moduló el daño producido por el URE, disminuyó el del MMS y no modificó el del 4-NQO. **Conclusiones.** En *D.m* el consumo continuo de brócoli, cultivado orgánicamente o no, produce diferencias en la genotoxicidad espontánea, y en la generada por los mutágenos URE, MMS y 4-NQO, que estarían dadas por los disolventes, así como en los tipos de cultivo y procesos asociados con su comercialización.

PROPORCION SEXUAL EN TRES POBLACIONES NATURALES DE *Drosophila pseudoobscura* ORIGINARIAS DE LA PENINSULA DE BAJA CALIFORNIA.

Salceda VM.

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

victor.salceda@inin.gob.mx.

La proporción sexual en las especies está relacionada a un mecanismo aún no completamente explicado de determinación del sexo. La mayoría de las especies, independientemente del sistema de determinación sexual que presenten, muestran una igual proporción de individuos para ambos sexos. Así cuando el sexo esta determinado por el cromosoma sexual, entonces la proporción de machos está controlada mediante la segregación cromosómica en el mecanismo de la meiosis del sexo heterogamético, usualmente en los machos. En las especies diploides la proporción sexual está principalmente determinada por el balance génico en diferentes combinaciones de los cromosomas sexuales. En *Drosophila* el sexo se determina por la proporción de cromosomas sexuales contra los autosomas, además en varias especies del género esta proporción también está relacionada con la presencia de una inversión en el cromosoma sexual (X) que ocasiona una disminución y aún ausencia de machos en la descendencia. En el presente trabajo se analiza la proporción sexual en tres poblaciones naturales de *Drosophila pseudoobscura* originarias de la Península de Baja California, sin tomar en consideración la presencia de la inversión "sex-ratio" (SR). Las moscas capturadas en la naturaleza fueron cultivadas individualmente en el laboratorio y a partir de su descendencia se determinó su cariotipo y se permitió que

cada cultivo dejara descendencia adulta misma que se cuantificó para obtener la proporción sexual a la emergencia. La proporción sexual se calculó según la expresión número de machos x 100 / número de hembras propuesta por Darwin (1871) la cual es equivalente a decir cuantos machos hay por cada 100 hembras. Las poblaciones analizadas fueron San Pedro Martir, Ls Animas en Baja California y San Ignacio en Baja California Sur. Las proporciones sexuales se analizaron considerando cada población en forma global, dividiendo la población en homocogotos y heterocigotos y finalmente en categorías cariotípicas o genotipo, así para nuestra primera observación los resultados son: San Pedro Martir 76.3; Las Animas 85.3 y San Ignacio 101.1 machos por cada 100 hembras. Estos resultados sugieren que en la naturaleza existen mas hembras que machos cuando menos en dos de las poblaciones y además la presencia de un gradiente Norte-Sur para la característica estudiada.

SESIÓN DE CARTELES I

DISCOS INTERACTIVOS: ALMACENAMIENTO Y FLUJO DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA

²Ma. Eugenia Heres-Pulido, ^{1,*}América Nitxin Castañeda-Sortibrán, ¹Beatriz Rodarte-Murguía, ¹Claudia Andrea Segal-Kischinevzky, ²Irma Elena Dueñas-García, ²Laura Castañeda-Partida, ¹María Guadalupe Ordaz-Téllez, ¹Rosario Rodríguez-Arnaiz.

¹Facultad de Ciencias, UNAM, nitxin@ciencias.unam.mx, nitxin@gmail.com.

²FES Iztacala, UNAM. meheres@hotmail.com.

Área: Biología. Nivel educativo: Universidad.

Se presenta un conjunto de tres CDs para la enseñanza de la Biología Celular a nivel licenciatura. Los cds acompañan a tres libros de texto de formato pequeño, tamaño escuela.

Los CD-ROM, contienen:

- Unidades didácticas desarrolladas con conceptos esenciales de Biología Celular, vinculados a artículos de apoyo a la docencia (en formato pdf), gráficos, tablas y animaciones de procesos celulares.
- Imágenes y animaciones en power point y flash (50), que permiten realizar un recorrido visual e interactivo por los conceptos y procesos involucrados en la enseñanza de la Biología Celular.
- Autevaluaciones, que le permiten al alumno valorar si han adquirido los conocimientos fundamentales de cada unidad.
- Un glosario, para que el alumno se pueda referir a él en cualquier momento de estudio, para que aclare sus dudas con respecto a los conceptos.
- Enlaces a sitios confiables en la red, los cuales pueden contener: imágenes en 3D, animaciones, información relevante y ejercicios de cada tema.

CROMAGEN: SISTEMA DE EVALUACION DEL DAÑO EN EL ADN

Rodríguez JF^{1,2}. Hawa E^{1,2}. Vázquez A.² Pizá P.²

1.- Departamento de Ingeniería Eléctrica/DCBI, Universidad Autónoma Metropolitana, Iztapalapa, México. 2.- OPDIPO S.A. de C.V.

Es un sistema de adquisición y procesamiento digital de imágenes desarrollado por OPDIPO S.A. de C.V. para evaluar el daño al ácido desoxirribonucleico (ADN) usando la técnica de electroforesis unicelular o ensayo cometa. Permite al usuario obtener de manera automática o manual los parámetros de medición del daño al ADN tales como la longitud y densidad de la cabeza, así como la longitud, momento y densidad de la cauda.

También cuenta con la opción para trabajar en campo claro lo que amplía su aplicación registrando medidas de cualquier muestra microscópica de manera automática o manual.

Con el método "Full Mode Calibration" (desarrollado por ODP e integrado al sistema Cromagen^{MR}) es posible calibrar el sistema de manera precisa, rápida y sencilla, permitiendo obtener datos en micras con cualquier modelo o marca de microscopio. Los datos se registran en una hoja de cálculo que facilita su análisis posterior.

Las imágenes fotográficas pueden ser adquiridas con cualquier cámara o en tiempo real y el usuario debe establecer su formato de adquisición de imagen de la mejor calidad posible y en cualquier formato (jpeg, png, gif, bmp, etc.).

Los requerimientos mínimos para el buen funcionamiento de Cromagen^{MR} no exceden los de una computadora comercial: Windows XP^{MR} o Vista^{MR}, procesador Pentium^{MR} 1.6GHz. ó similar 598 MHz y 1GB RAM.

Los requerimientos óptimos para el uso de la función de video en tiempo real son: Windows XP^{MR} o Vista^{MR}, procesador Pentium^{MR} 2.5 GHz o similar con bus de 1024MHz o superior, 4 GB RAM y tarjeta de acelerador de grafico de 512 MB dedicados.

Si bien en la actualidad hay en el mercado sistemas que permiten realizar estas funciones, todos ellos son desarrollados en otros países, principalmente europeos, por lo que su adquisición es costosa y en muchos casos sin posibilidad de apoyo técnico personalizado. El desarrollo de un programa como Cromagen^{MR} representa un gran avance hacia la independencia tecnológica en el campo científico en México y Latinoamérica.

AMPLIFICACIÓN DEL GEN DE INVERTASA Y EVALUACIÓN DE LA PRODUCCIÓN ENZIMÁTICA EN FERMENTACIÓN EN ESTADO SÓLIDO

Veana-Hernández F.¹, Gutierrez-Alvarado Y.C.¹, Rodríguez-Herrera R*.¹ Aguilar-González C. N.¹ y Reyes-Valdés H.²

¹ Universidad Autónoma de Coahuila. Facultad de Ciencia Químicas. Saltillo, Coahuila

² Universidad autónoma Agraria Antonio Narro. Departamento de Fitomejoramiento. Saltillo, Coahuila. *rrh961@hotmail.com

Las cepas fúngicas aisladas del semidesierto mexicano son una fuente enzimática muy interesante debido a las condiciones extremas en las cuales viven. Una de las enzimas que se utilizan mayormente en la industria alimentaria es la invertasa que desdobra la sacarosa a glucosa y fructosa, esta última es preferible, puesto que es más dulce y no cristaliza fácilmente. Por lo anterior, se realizan constantemente investigaciones para aislar genes que expresen dicha enzima. Se emplearon las cepas fúngicas *Aspergillus niger* (GH1), *Penicillium purpurogenum* (GH2) *Penicillium pinophilum* (EH2), *Penicillium citrinum* (ESS) y *Aspergillus fumigatus* (GS) las cuales fueron aisladas del semidesierto mexicano. Se evaluó la velocidad de crecimiento (\square) en medio Czapek adicionado con sacarosa (25 g/L), se realizó fermentación en estado sólido y se midió la actividad invertasa a los extractos obtenidos mediante la técnica de Somogy-Nelson empleada por Ashokkumar *et al.*, 2001. La extracción de ADN de las cepas se realizó por la técnica de CTAB reportada por Graham *et al.*, 1996. Se diseñaron iniciadores específicos para el gen de invertasa. Posteriormente se amplificó parte del gen por PCR y se secuenciaron los fragmentos amplificados. La velocidad de crecimiento más alta fue para GH1 (0.4053 mm/h) además de haber reportado la mejor actividad invertasa a las 72 h de 81,270 U/L*min. Se consiguió el diseño de los primers para la identificación del gen (InvF 5' acgtctggctgtccggtgac 3' and InvR 5' accgaaccaagtactcaacgca 3',) con una temperatura óptima de alineamiento de 61.6 °C. Se optimizaron las condiciones de PCR y se obtuvo que el gen de invertasa corresponde a una secuencia de 660 pb.

ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DE RNA MENSAJEROS EN RESPUESTA A HERBIVORÍA DE *Magnolia dealbata* Zucc.

Medina-Jiménez K., Flores-Estévez N., Noa- Carrazana J. C., Díaz-Fleischer F., Malo-Rivera E. A.

Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, INBIOTECA - Universidad Veracruzana, Campus para la Cultura, las Artes y el Deporte, Av. de las Culturas Veracruzanos No 101. Col. Emiliano Zapata CP 91090. Xalapa, Veracruz, México.

Magnolia dealbata Zucc. es un árbol caducifolio del bosque mesófilo de montaña, distribuido en los estados de Oaxaca, Hidalgo, San Luis Potosí, Querétaro, Nuevo León y Veracruz. En la literatura se menciona el uso de las hojas y la corteza de *M. dealbata* Zucc. en la medicina tradicional mexicana, ya que se piensa que tiene propiedades curativas frente a padecimientos del corazón. Esta especie pertenece a la familia *Magnoliaceae*, de la que en algunas especies, se han aislado compuestos activos biológicamente como magnolol y honokiol. Estos compuestos exhiben una actividad relajante para el músculo cardíaco, son potentes antibacteriales y anticancerígenos. Debido a la escasa ocurrencia de herbivoría en *M. dealbata* Zucc. se sugiere que la planta produce algunos compuestos químicos o proteicos para su defensa. El objetivo de este trabajo es identificar RNAs mensajeros involucrados en la respuesta a herbivoría de *M. dealbata* Zucc., para esto se realizará un estudio de expresión genética para observar si existen diferencias en la respuesta de *M. dealbata* Zucc. al daño foliar producido por una larva de *Lepidoptera*. Para este estudio, se buscarán cambios en la expresión de RNAm, bajo tres condiciones diferentes, hoja control

negativo sin daño, hoja con daño mecánico y hoja mordida por larva. Se realizaron la extracción de RNA total de 15 plántulas de *M. dealbata* Zucc (de las tres condiciones diferentes), según el protocolo de Mary A. Shueler, Ramón E. Zielinsky. Con el RNA se realizó una Transcripción reversa (RT) y una Reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Se visualizaron los productos de PCR en geles de poliacrilamida teñidos con bromuro de etidio y se lograron identificar fragmentos diferenciales de RNAm en las tres condiciones diferentes: control, negativo, daño mecánico y daño por herbivoría. Los resultados fueron que se hallaron bandas diferenciales de RNA mensajeros las cuales pueden estar asociadas a una respuesta defensiva por parte de *M. dealbata* Zucc. hacia insectos herbívoros que la atacan.

GENOTIPIFICACIÓN DE 7 MUTANTES DE MANZANO DE LA VARIEDAD GOLDEN DELICIOUS

Escobar-Saucedo M¹., Rodríguez-Herrera R¹., Reyes, A²., Cruz Requena M. ¹, Aguilar G. C¹.

¹Universidad Autónoma de Coahuila. Facultad de Ciencias Químicas. Saltillo Coah.

²Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Departamento de Horticultura. Saltillo Coah. maesalita@hotmail.com

El manzano es un árbol que requiere frío invernal para acumular suficientes unidades frío (UF) y con ello lograr una brotación de yemas florales necesarias para buenos rendimientos y una cosecha uniforme. En la Sierra de Arteaga del Estado de Coahuila, se han presentado mutaciones en el manzano cuya principal característica es su bajo requerimiento de frío, que han dado buenos resultados en cuanto a producción y calidad de frutos. El uso de estos mutantes resuelve en gran parte el problema de la deficiencia de horas frío. El objetivo de este trabajo fue genotipificar mediante la generación de marcadores AFLP's a plantas de manzano normal "Golden Delicious" y 7 de sus mutantes (vigas I, vigas II, vigas III, vigas IV, verde, brotador y primicia). Posteriormente se llevo a cabo la extracción del ADN, utilizando la metodología descrita por Dellaporta, *et al.* (1983) y se observó la integridad del ADN en geles de agarosa 0.1%. Se desarrollaron marcadores moleculares AFLP, siguiendo el protocolo de LI-COR® Biosciences. Para la amplificación selectiva se probaron 6 combinaciones de iniciadores, resultando la combinación: [EcoRI (+ACC +AGG) / MseI (+CTA)] con la cual se detecto el mayor y mejor bandeo. Los datos del bandeo fueron codificados como 0=ausencia de banda y 1=presencia. Por medio del software INFOGEN, se realizó un dendograma y se determinaron variables genéticas de los datos obtenidos. En el dendograma se detecto una mayor similitud genética entre la variedad normal y el mutante vigas II, así como entre el mutante brotador y verde. Los análisis de los mutantes determinaron que todos los mutantes son genotipos específicos, siendo el mutante brotador el más distante genéticamente de la variedad normal.

DIVERSIDAD GENETICA DE ORÉGANO MEXICANO (*Lippia berlandieri* Schauer) EN EL ESTADO DE CHIHUAHUA UTILIZANDO AFLP's.

Meléndez-Rentería NP¹, Rodríguez-Herrera R¹, Aguilar-González CN¹, Nevárez-Moorillón GV², Silva-Vázquez R³.

El orégano es una de las riquezas naturales con las que cuenta el territorio mexicano, se conoce su utilización desde tiempos ancestrales como planta medicinal y como condimento de platillos regionales, sin embargo, es una especie de la cual se tienen pocos estudios sobre su composición genética. Se realizaron 8 colectas de orégano en el Estado de Chihuahua, México. La semilla se benefició por medio de un soplador; el cual permitió la separación de los contaminantes más ligeros y las semillas muertas, mientras que de manera manual se eliminaron los contaminantes pesados. Se probaron 4 métodos de extracción de ADN (3 de plántulas y 1 de semillas), ofreciendo el método para semillas, propuesto por Kang *et al.* en 1998, la mayor calidad e integridad del ADN. Posteriormente se procedió a la selección de los iniciadores que ofrecieran el mayor número de bandas polimórficas de AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism). Para la selección de los iniciadores de la amplificación selectiva, se obtuvo el ADN de semillas individuales de *L. berlandieri* Schauer, posteriormente el ADN se cortó con las enzimas de restricción Eco R1 y Mse I, a esto procedió la ligación de adaptadores con secuencia reconocida por iniciadores específicos que llevan a cabo la pre-amplificación. Obtenidos los fragmentos se probaron 20 combinaciones de iniciadores específicos para amplificación selectiva y se separaron los fragmentos amplificados en gel de poliacrilamida. Para encontrar la mejor combinación se contaron las bandas presentes en el gel y se seleccionó la combinación 17 M-CTC/E-AAG, E-AGG (que fue la que dio mayor número de bandas). Ya elegida la combinación de primers, fue posible continuar con la amplificación selectiva del orégano y así determinar los polimorfismos dentro de las 8 colectas.

ESTUDIO CROMOSÓMICO Y CONTENIDO DE ADN EN CITOTIPOS DIPLOIDES DE POBLACIONES SILVESTRES DE *Agave angustifolia* DE SONORA

Martínez J. y Palomino G.

Jardín Botánico. Instituto de Biología, UNAM. México. D.F. C.P. 04511.
mramon@ibiologia.unam.mx

El presente trabajo de investigación informa del tamaño del genoma por citometría de flujo y la morfología cromosómica en *Agave angustifolia*, donde se analizaron 6 poblaciones del estado de Sonora. Especie donde se produce la bebida conocida como mezcal. El contenido de ADN se obtuvo en las plantas de las 6 poblaciones, utilizando un citómetro de flujo Partec CA II y *Zea mays* como planta de referencia. Los núcleos obtenidos de *A. angustifolia* se aislaron utilizando buffers hipotónicos y se tiñeron con yoduro de propidio.

El análisis cariotípico se realizó en raíces primarias y secundarias tratadas con 8-Hidroxiquinoleína durante 6 horas a 18° C. Los ápices radicales se hidrolizaron en HCl 1N a 60°C y se tiñeron con Feulgen. Las células con cromosomas en metafase mitótica se fotografiaron en un fotomicroscopio Carl-Zeiss-II. La clasificación cromosómica se llevó a cabo de acuerdo a la metodología propuesta por Levan *et al.*, 1964. El valor mayor de 2C de ADN= 8.514 pg, lo presentó la población de los

Mochomos y el menor de 2C de ADN= 8.370 pg, la población de Moctezuma. En las 6 poblaciones de *A. angustifolia* se observaron los números cromosómicos diploides, $2n=2x=60$. El análisis cromosómico permitió definir 5 citotipos estructurales diferentes que variaron en la morfología cromosómica en las plantas estudiadas. Las poblaciones de *A. angustifolia* del estado de Sonora presentaron los siguientes citotipos: La población de Moctezuma con $50m+2st+8t$, El Rosario de $48m+2sm+4st+6t$, Los Mochomos y el Chorro presentaron el mismo cariotipo con $48m+2sm+6st+4t$, el Bajío de $42m+4sm+10st+4t$ y Valle del Mayo con $42m+6sm+10t$. Estas investigaciones permitieron corroborar el número cromosómico básico para la especie del género *Agave* de $x=30$: $2n=2x=60$ y es congruente con el ya propuesto para otras especies diploides y poliploides del género *Agave*. El estudio de los parámetros cromosómicos obtenidos nos permite definir la presencia de citotipos estructurales en especies de *Agave*. Los cambios en la morfología cromosómica observados en las 6 poblaciones de *A. angustifolia* son debidos a mutaciones heterocigóticas espontáneas como translocaciones, deficiencias y deleciones que son la causa en la formación de estos citotipos en esta especie.

APLICACIÓN DE MARCADORES ISSR PARA LA DETERMINACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Echinocactus parryi* (CACTACEAE).

Villafán-de la Torre, E; Félix-Durán, F y Bojórquez RG

Laboratorio de Biología Celular y Genética, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, 32310, Anillo Envolvente Pronaf S/N, Ciudad Juárez, Chihuahua, México Tel: 01 656 6881886, Fax: 01656 6881886, e-mail: gbojorqu@uacj.mx.

El Desierto Chihuahuense, es un centro de diversidad biológica importante para el mundo. En él habitan especies de interés para la conservación, como lo es *Echinocactus parryi*, especie de la familia de las cactáceas, endémica de los municipios de Juárez y Ahumada, pertenecientes al estado de Chihuahua. Su distribución es muy restringida y se encuentra catalogada como especie amenazada por la NOM-059-SEMARNAT-2001. El objetivo de este trabajo es identificar y evaluar la variabilidad genética en y entre cuatro localidades de *Echinocactus parryi*, mediante la utilización de los oligonucleótidos $(GAC)_5$; $(CAC)_5$ y $(GACA)_4$ por medio de la aplicación de la técnica de ISSR. Para ello se colectó tejido vegetal de 46 individuos pertenecientes a cuatro diferentes localidades (“El Mesudo”, “Samalayuca”, “Candelaria” y “Peñascos”), y se realizaron extracciones, purificaciones, amplificaciones y electroforesis del ADN para obtener el patrón de bandas correspondiente a cada individuo. A partir de la presencia y ausencia de bandas se calcularon los estadísticos de: Heterocigosidad esperada (H_e); Heterocigosidad sin sesgo de Nei (U_{He}); Índice de diversidad de Shannon (I); Grado de diferenciación poblacional via AMOVA (Φ_{sp}) y de Nei (G_{st}); Distancias e identidades genéticas y Número de migrantes por generación (N_m). También se elaboraron dendrogramas para visualizar las relaciones genéticas de los individuos en sus cuatro localidades. Los resultados indican que la localidad de “El Mesudo” presenta los valores más altos de variabilidad y diferenciación genética ($H_e=0.38$, $U_{He}=0.40$, $I=0.54$). “Peñascos” y “Candelaria” poseen máxima similitud entre ellas en relación a las demás localidades ($\Phi_{pt}=0.023$). “Samalayuca” presenta mayor similitud con “Peñascos” y “Candelaria” y representa un puente importante de flujo

genético entre todas las localidades ($N_m=3.014$). En base a nuestros hallazgos se propone la existencia de dos subpoblaciones de *E. parryi*; una conformada por “El Mesudo”, y la segunda por “Peñascos”, “Candelaria” y “Samalayuca”. Los resultados de este estudio ayudarán a generar políticas de conservación biológica y manejo, tanto para la especie como para su hábitat, dado que *Echinocactus parryi* es una especie citada como amenazada, que se encuentra fuertemente presionada por el acelerado crecimiento urbano del norte de Chihuahua.

GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Zamia furfuracea* L. F. (ZAMIACEAE): UNA CÍCADA ENDÉMICA AL ESTADO DE VERACRUZ, MÉXICO

Limón Salvador Francisco

Instituto de Ecología A.C. Mail: visitante25@hotmail.com

Introducción *Zamia furfuracea* L. f. (Zamiaceae, Cycadales), es una especie amenazada y endémica al estado de Veracruz, la cual ha sido exportada desde 1691 con fines ornamentales lo que ha llevado a una gran reducción de su distribución original. La realización de un estudio a nivel genético de estas poblaciones permitiría conocer su estado de conservación y servir como herramienta para hacer un correcto manejo de la especie.

Objetivos: Conocer la distribución y la variación genética dentro y entre las poblaciones de *Zamia furfuracea* en todo su ámbito de distribución, calcular las distancias genéticas entre las poblaciones y diagnosticar el estado de conservación de la especie desde la perspectiva de la ecología y genética de poblaciones.

Métodos: El estudio fue realizado en cinco poblaciones naturales de *Z. furfuracea* utilizando la técnica de Isoenzimas en electroforesis horizontal en geles de almidón para obtener los estimadores básicos de la diversidad genética (Número promedio de alelos por locus, Porcentaje de Polimorfismo, Heterocigosis Observada y Esperada). Los cuales se obtuvieron con el software TFPGA 1.3. Para estudiar la estructura genética se usaron los estadísticos F-Wright y se construyó un fenograma con las distancias genéticas de Nei, éste se elaboró con el método de promedio aritmético no ponderado de grupo pareado (UPGMA) usando el programa TFPGA.

Resultados: El número promedio de alelos por locus fue de 1.72, el polimorfismo promedio fue 97.8% y la heterocigosis esperada promedio fue 0.3313. Respecto a la estructura genética, se detectó exceso de homocigotos en todas las poblaciones, indicando pérdida de variabilidad genética por efecto de la endogamia. La diferenciación genética fue relativamente alta (~16%), por lo que la mayor parte de variación genética se debe a las diferencias entre poblaciones. No existió relación alguna entre las distancias genéticas y geográficas entre pares de poblaciones.

Conclusiones: Aunque las poblaciones de *Z. furfuracea* han sido reducidas y empieza a disminuir la diversidad genética de la población aún presenta valores superiores a otras 25 cícadas examinadas. Considerando que un porcentaje de su diversidad radica en las diferencias entre poblaciones, su manejo se tendría que avocar a conservar las cinco, enfatizando aquellas que presentaron alelos exclusivos (i.e. Sontecomapan y Toro Prieto).

AISLAMIENTO DE *Paecilomyces* sp. RESISTENTE A CROMO (VI)

Cárdenas JF y Acosta I.

Laboratorio de Micología Experimental. Centro de Investigación y de Estudios de Posgrado. Facultad de Ciencias Químicas. UASLP. iacosta@uaslp.mx

Pese a que el cromo es un elemento esencial para hombres y animales, niveles elevados de este metal (15 µg en agua de ríos y 0.10 mg /L en agua potable) resultan tóxicos en éstos. En las aguas residuales, el Cr (VI), se encuentra en solución como CrO_4^{2-} (6), puede removerse por reducción, por precipitación química, por adsorción y por intercambio iónico (5). Actualmente, el proceso más utilizado es la adición de un agente reductor que convierta el Cr (VI) a Cr (III) y posteriormente se le precipita con soluciones básicas a $\text{Cr}(\text{OH})_3$. Recientemente, se ha estudiado el uso de metodologías alternativas, como la reducción de Cr (VI) a Cr (III) por, *Pseudomonas putida*, *Penicillium* sp y *Aspergillus* sp y la bioadsorción del mismo por biomasas fúngicas como: *Cryptococcus neoformans* y *Helminthosporium* sp., por lo que el objetivo de este trabajo estudiar la resistencia a Cr (VI) por el hongo contaminante ambiental *Paecilomyces* sp., el cual fue aislado de una zona cercana a la FCQ/UASLP, en cajas de Petri con medio mínimo de sales, adicionadas de 500 mg/L del metal. La resistencia se estudio inoculando el hongo en medio mínimo de sales conteniendo de 0-2000 mg/L de Cr (VI), durante 7 días, 28 °C, 100 rpm, determinando el crecimiento como peso seco y analizando su efecto sobre la micromorfología, observando que a medida que se aumenta la concentración del metal disminuyen la concentración de conidias y el crecimiento del hongo, así como alteraciones en la macro y micromorfología.

AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE CEPAS NATIVAS DEL SUELO MEXICANO DEL GÉNERO *Azotobacter*

Adriana Carolina Flores-Gallegosⁱ, Juan Carlos Contreras- Esquivelⁱⁱ, Raúl Rodríguez-Herrera³

Autor Responsable, Facultad de Ciencias Químicas, Ing. José Cárdenas Valdés s/n Col. República Oriente. Saltillo, Coahuila, C.P. 25280, caro_flores5@hotmail.com

¹ Universidad Autónoma de Coahuila, Facultad de Ciencias Químicas, Ing. José Cárdenas Valdés s/n Col. República Oriente. Saltillo, Coahuila, C.P. 25280, Fax 52+844 415 95 34, rrrh961@hotmail.com

Desde el siglo pasado, los microorganismos diazótrofos han sido objeto no solo de estudio en microbiología de suelos, sino también en el desarrollo de productos biológicos comerciales especialmente en Cuba, México y Estados Unidos. Con el fin de aislar y caracterizar bacterias diazótrofes del género *Azotobacter*, se analizaron muestras de suelos mexicanos. El aislamiento se realizó en medio Ashby-sacarosa libre de nitrógeno. Los aislamientos se caracterizaron fenotípica y bioquímicamente, logrando identificar bacterias del género *Azotobacteri*. La caracterización molecular se realizó mediante la amplificación del DNAr 16S utilizando como cepa de referencia a *Azotobacter vinelandii* CDBB B-992. El gen 16S fue amplificado mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), utilizando los iniciadores FGPL y FGPS, que además amplifican la región polimórfica de los espacios intergénicos (IGS) 16S-23S. Se obtuvieron productos de 2000 pb aproximadamente tanto para los aislamientos

como para la cepa de referencia. Posteriormente se obtuvo la secuencia de estos productos y se comparó con la base de datos del GenBank mediante la herramienta BLAST obteniendo una similitud del 99% para *Azotobacter vinelandii*. Así se demostró que las técnicas moleculares en conjunto con las convencionales y la bioinformática son herramientas fundamentales para la caracterización de bacterias diazótrofes de importancia en agricultura, estudios de biodiversidad, bioprospección y biotecnología.

Palabras clave: diazótrofes, aislamiento, suelos mexicanos.

REGULACION DE LA TRADUCCIÓN POR NUCLEÓTIDOS DE ADENINA CERCANOS AL CODÓN DE INICIO

Castillo-Méndez M.A., Jacinto-Loeza E., Trejo-Olivares, J., Guarneros G y Hernández-Sánchez J.

Departamento de Genética y Biología Molecular. Centro de Investigación y de estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional. Av. Instituto Politécnico Nacional 2508 Col. San Pedro Zacatenco. C.P. 07360 México, D.F. Apartado postal 14-740, 07000 México, D.F. Tel. 01 55 57 47 38 00. Exts. 5352. javierh@cinvestav.mx

Uno de los factores que afecta la eficiencia de inicio de la traducción es la composición del sitio de unión a ribosomas del mRNA. Dentro de esta región, la naturaleza de los codones cercanos al codon de inicio determina la eficiencia de la traducción. En este sentido, los sitios de inicio de la traducción de muchos genes de *E. coli* contienen secuencias ricas en adeninas río abajo del codón de inicio. Asimismo, se ha visto que éstas promueven la síntesis proteica promoviendo la formación del complejo de iniciación. Para investigar el efecto de las adeninas cercanas al codon de inicio en la síntesis de proteínas se obtuvieron variantes del gen *lacZ* en el vector pKQV4 mediante mutagénesis sitio dirigida en donde tandems de codones GGG,AGG, AGA, ATA y AAA se movieron de las posiciones 2-3 a 7-8 siendo el codon de inicio AUG la primera posición. Posteriormente mediante ensayos de transcripción-traducción in vitro se determinó el nivel de síntesis de β -galactosidasa de las construcciones de *lacZ*. Los resultados demostraron claramente una mayor síntesis de β - galactosidasa a partir de las construcciones con mayor contenido de adeninas (AAA, ATA y AGA) en comparación con las construcciones ricas en guaninas (GGG y AGG). Esta tendencia se corroboró cuando se determinó la actividad de β -Gal a partir de las mismas construcciones. En nuestro modelo proponemos que las adeninas actúan en la regulación traduccional en 2 etapas: 1) durante el inicio de la traducción las adeninas favorecen el reconocimiento del mRNA por parte de la subunidad 30S, aumentando la afinidad del ribosoma por el mRNA y 2) durante la etapa de elongación las adeninas presentes en codones comunes favorecen la síntesis proteica, al ser estos codones mas fácilmente decodificados por el ribosoma. Para probar este modelo el siguiente paso en nuestro trabajo será realizar ensayos de unión mediante los cuales se pretende medir la tasa de formación del complejo ternario (tRNA-rRNA-mRNA) lo cual nos ayudará a determinar la afinidad de las variantes de *lacZ* por el ribosoma.

Este trabajo fue parcialmente apoyado con fondos del proyecto de CONACYT 50598.

EFFECTOS DE LA CASIOPEÍNA III-EA EN EL DESARROLLO EMBRIOLÓGICO Y FETAL EN RATON.

Camargo-Sánchez A.O.; García-Zamora P. B. Altamirano-Bautista, A., Hernández-Meza, R. y Altamirano-Lozano, M.
Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN), FES-Zaragoza, UNAM, D.F. maal@servidor.unam.mx

En la generación de nuevas estrategias terapéuticas para combatir el cánceres esencial en la investigación se han diseñado compuestos de coordinación con centro metálico de cobre, llamados Casiopeínas®, los cuales presentan una significativa actividad citostática y antineoplásica, además de demostrar capacidad para inducir muerte celular (citotoxicidad) y fragmentación de ADN (genotoxicidad) en líneas celulares tumorales y normales. Como todo nuevo fármaco, debe ser sometido a pruebas preclínicas que identifiquen sus propiedades farmacológicas y toxicológicas, para determinar su seguridad y eficacia en la terapéutica oncológica en humanos. A la fecha se han desarrollado pocos trabajos que demuestren efectos sobre todo a nivel reproductivo, específicamente en la embriogénesis y organogénesis, por lo que es de suma importancia continuar con la evaluación de estos nuevos fármacos. El presente trabajo evaluó el efecto embriotóxico y genotóxico de la Cas III-Ea en ratones hembras cepa CD-1, así como el efecto teratogénico en los productos obtenidos. Adicionalmente durante el periodo de tratamiento se examinó el grado de daño al ADN en las ratonas tratadas mediante la técnica de ensayo cometa. Los datos muestran que el daño que produce la Cas III-Ea al ADN se considera bajo. En cuanto a las hembras gestantes el número de implantaciones se vio afectado sobre todo en la dosis 3.5 mg/kg (1/4 LD50) presentando reabsorciones en el 90% de las hembras así como la expulsión de estas y posteriormente induciendo la muerte de los organismos; esto indica una alta embriotoxicidad, observando que al disminuir la dosis disminuyeron también las reabsorciones y muerte de organismos. Los productos de las hembras tratadas, se analizaron bajo un estereoscopio, esto con el fin de observar alteraciones en los fetos; Físicamente se encontraron malformaciones en las extremidades posteriores y anteriores, cola deforme, ausencia de desarrollo de la bolsa urogenital, así como ausencia de párpados, y piel extremadamente sensible al tacto. Más tarde fueron sometidos a una técnica de tinción con el fin de observar modificaciones en esqueleto. Con base en los resultados obtenidos se deduce que la Cas III-Ea es un fármaco embriotóxico, fetotóxico y teratogénico y el daño que produce al ADN es considerado como bajo.

MODULACIÓN DE ENZIMAS DE FASE I DEL METABOLISMO POR EXPOSICIÓN A VIMANG® (*Mangifera indica* L.).

Hernández-Ojeda SL¹, Rodeiro, I², Camacho-Carranza R¹, Espinosa-Aguirre JJ¹.

¹Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM; ²Centro de Química Farmacéutica, Cd. de la Habana, Cuba.

El Vimang® es un producto natural derivado de la corteza del árbol del mango con un contenido elevado de polifenoles. Este producto se utiliza en Cuba como suplemento nutricional así como para mejorar el bienestar de aquellos pacientes que presentan diferentes tipos de dolor e inflamación. Por otro lado, existen reportes que muestran una interacción no deseable entre extractos vegetales y fármacos, debido a que los primeros son capaces de modular las enzimas de fase I del metabolismo. El propósito del presente trabajo fue explorar si algunas familias del Citocromo P450 (CYP) hepático son moduladas por la exposición al Vimang® en la rata. Se administró por vía oral Vimang® así como uno de sus principales componentes, la mangiferina (50 y 100 mg/kg por 3 días), a diferentes grupos de animales incluyendo un grupo testigo. Posteriormente, se obtuvo la fracción microsomal hepática de los animales de cada grupo y se procedió a evaluar los siguientes parámetros: concentración total de CYP, actividad individual de subfamilias de CYP involucradas en el metabolismo de xenobióticos incluyendo fármacos de uso frecuente (CYP1A1, CYP1A2, CYP2B1, CYP2B2, 2E1). Los resultados muestran que el tratamiento con mangiferina pero no con el Vimang®, eleva el contenido total de CYP hepático. Este efecto no es acompañado de un incremento en la actividad de las subfamilias de CYP estudiadas. Nuestros resultados contrastan con los obtenidos en experimentos *in vitro* con cultivo primario de hepatocitos, en los que se ve un incremento en la actividad de CYP2B1. Los datos obtenidos hasta el momento, son evidencia de que no existe riesgo de efectos no deseables en la ingesta combinada de Vimang® con otros fármacos; sin embargo, falta explorar otras familias de CYP importantes en el metabolismo de medicamentos de amplio consumo.

POSIBLE PAPEL DEL TRANSPORTADOR ABC DE GLUTAMINA EN LA RESISTENCIA A NITROFURANTOÍNA EN *Salmonella enterica* SEROVAR TYPHIMURIUM LT2

González EG, Barajas C, Espinosa-Aguirre JJ, Camacho-Carranza, R.
Universidad Nacional Autónoma de México. Instituto de Investigaciones Biomédicas.
Departamento de medicina genómica y toxicología ambiental.

Para estudiar la resistencia de *Salmonella entérica* a fármacos nitroactivables, en la tesis de licenciatura de Barajas C. (2007) se realizó una búsqueda de genes involucrados mediante la inserción aleatoria del transposón Mud-Cam. El sistema de selección se basó en la búsqueda de cepas resistentes a nitrofurantoína 20 µgml⁻¹ versus los 6 µgml⁻¹ que resiste la cepa silvestre. En una de estas cepas se logró mapear el transposón en un espacio intergénico ubicado entre *glnP* y *glnH*, genes codificantes para componentes del transportador ABC de glutamina. El propósito del presente trabajo es buscar la explicación para la resistencia que se confiere por esta inserción.

Trabajos de Betteridge P. y Ayling P. (1957) asocian una mutación en *glnP* con el transporte y resistencia parcial (5 µgml⁻¹) de metionina sulfoximina (Metx). Así para determinar que el transportador en cuestión permite el paso de nitrofurantoína, se propuso un esquema de competencia entre el antibiótico y la glutamina, metionina y la

Metx. La idea es que al ocupar dicho transportador con otra molécula, aumente la resistencia a la nitrofurantoína.

Se determinó el MIC de la Metx y se efectuaron ensayos de competencia en las cepas wt y la cepa mutante, utilizando diferentes concentraciones de Metx en presencia de $100\mu\text{gml}^{-1}$ tanto de Glutamina como de metionina, ambos aminoácidos por separado y en combinación, estos aminoácidos a las mismas concentraciones fueron previamente probados (Betteridge P. y Ayling P. 1957).

En presencia de los aminoácidos aumentó la resistencia a Metx de un MIC de $3\mu\text{gml}^{-1}$ en la cepa wt y de $7\mu\text{gml}^{-1}$ para la cepa mutante a más de $30\mu\text{gml}^{-1}$ en ambas.

Con nitrofurantoína se realizaron experimentos similares; de un MIC de $1\mu\text{gml}^{-1}$ y de $2\mu\text{gml}^{-1}$ respectivamente, pasó a $3\mu\text{gml}^{-1}$ y $4\mu\text{gml}^{-1}$ en presencia de glutamina, así como $2\mu\text{gml}^{-1}$ y $3\mu\text{gml}^{-1}$ cuando se empleó metionina como competidor.

Se realizan observaciones similares empleando aminoácidos no relacionados con el transporte de glutamina para asegurar que el fenotipo observado es específico del transportador que se estudia. También se está refinando la posición del transposón mediante PCR de la región.

MODULACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE GENES DE CITOCROMO P450 (CYP) POR BIOTINA.

Ronquillo Sánchez M.D, Camacho Carranza R., Hernández Ojeda SL y Espinosa Aguirre JJ.

Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México. CP 04510 maronsmy@hotmail.com

Los Citocromos P450 (CYP) son una familia de enzimas que metabolizan la mayoría de los xenobióticos en varios organismos incluyendo mamíferos. La actividad de CYP frecuentemente da origen a metabolitos tóxicos los cuales pueden interaccionar con proteínas y ADN formando aductos que contribuyen a aumentar el riesgo de desarrollar cáncer. Por otra parte, la Biotina es una vitamina hidrosoluble que actúa como cofactor de las carboxilasas, las cuales catalizan reacciones clave en gluconeogénesis, lipogénesis y catabolismo de aminoácidos. Recientemente se ha propuesto a la biotina como una posible alternativa en el tratamiento de hiperglicemia. Por lo tanto, es obligatorio realizarle pruebas de toxicidad, incluyendo la posibilidad de interacciones fármaco-fármaco cuyo origen sea la modulación de la actividad basal de los CYP's. Existen evidencias experimentales de que esta vitamina modula la expresión de genes, incluyendo CYP1B1, lo que abre la posibilidad de que otros CYP puedan ser modulados. El objetivo de este trabajo fue investigar la capacidad de biotina para modular la expresión de CYP1A1 y CYP1A2 en el hígado de rata. Se formaron 8 grupos de Ratas Wistar, cuatro testigos y cuatro experimentales (4 animales por grupo). Los grupos experimentales fueron tratados diariamente con biotina (2 mg / kg, ip) y sacrificados después de 1, 3, 5 y 7 días de tratamiento, los grupos testigo fueron tratados con agua destilada. Los animales fueron sacrificados y se obtuvieron microsomas hepáticos a los que se midió la actividad y concentración de CYP1A1 Y CYP1A2. Los resultados muestran que la administración de biotina vía IP en el modelo

de rata no produce cambios en la actividad y concentración de las proteínas estudiadas.

CUANTIFICACION DE CORTISOL EN SALIVA DE BOVINO COMPARANDO DOS CONDICIONES DE SACRIFICIO

Rivas RR¹, Stephano JL², Borrego JA³, Zecua LM⁴.

^{1,3,4}Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, ²Universidad Autónoma de Baja California. rrivas@uaci.mx

Actualmente existen muchos estudios sobre calidad de carne, tomando en cuenta el estrés que sufren los animales en el manejo en la granja, condiciones y tiempo de traslado del rancho productor al rastro, sin embargo en estos estudios no se han realizado cuantificaciones. Se ha encontrado que en animales donde existe una gran generación de estrés al momento del sacrificio, dan como resultado carnes que son llamadas PSE (pálida, blanda y exudativa), observado principalmente en cerdos, o carnes DFD (oscura, firme y seca) para ambos casos, lo que lleva a pérdidas de peso por exudación, mala apariencia y bajo valor económico.

Al efectuar este estudio nos permitió saber realmente que tan estresados se encontraban los animales al momento del sacrificio, para dos rastros con condiciones distintas, rastro TIF (tipo inspección federal) en la ciudad de Mexicali y rastro municipal de la ciudad de Ensenada.

Para la cuantificación del cortisol en saliva se utilizó un ensayo de inmunocompetencia, en donde se evaluó el estrés de los bovinos al momento del sacrificio, considerando las siguientes variables: animales sin descanso previo al sacrificio, raza, edad, sexo, peso, tiempo de traslado al rastro y estrés calórico.

En este estudio se encontraron niveles de cortisol de 6.59 µl/dl en los bovinos del rastro municipal y niveles de cortisol de 1.79 µl/dl en los bovinos del rastro TIF debido principalmente a que este rastro carece de las condiciones mínimas necesarias para un correcto bienestar animal. Estas observaciones nos permitieron hacer un análisis de los rastro para determinar que tan alejado se encontraba de la calidad que representa un rastro TIF y de las condiciones necesarias para el bienestar animal, factor importante a considerar para generar bajos niveles de cortisol y disminuir el estrés, lo que lleva a tener carnes de mejor calidad y mayor valor económico.

ANÁLISIS CITOGÉNÉTICO DE *Peromyscus ochraverter*.

Urbina S. I., Aguilar S. M. A., y López-O., G.

¹Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa.
pirmar@yahoo.com.mx

Peromyscus ochraverter es una especie endémica que se distribuye en la Sierra Madre Oriental en los estados de Tamaulipas y San Luis Potosí.

Existen dos cariotipos reportados para esta especie, uno por Robbins y Baker (1981) empleando un ejemplar hembra y otro por Hernández *et al.*, (1997), con una muestra

mayor, que difieren en el número fundamental, 60 y 56, respectivamente. Hasta ahora no se ha descrito el patrón de tinción con bandas cromosómicas.

El objetivo de este trabajo fue obtener el cariotipo con tinción de bandas G de *Peromyscus ochraventer*. Se realizaron colectas en las localidades de Copalillo y Maguey de Oriente, San Luis Potosí, y de los ejemplares capturados se obtuvieron las bandas G

Se encontró un solo cariotipo en todas las localidades, con $2n=48$ y $NF=56$, que es el descrito por Hernández *et al.*

El patrón de bandas G fue el mismo en las dos localidades y al compararlo con los descritos para *P. crinitus*, *P. boylii*, *P. difficilis*, *P. pectoralis*, *P. truei*, *P. leucopus*, *P. guatemalensis*, *P. gymnotis*, *P. mexicanus*, *P. zarhyncus* y *P. nudipes*, se observa es muy similar a los de las especies del grupo *mexicanus*.

Con base en este análisis es muy probable que *P. ochraventer* pertenezca al grupo *mexicanus* y que el citotipo encontrado por Robbins y Baker en 1981 sea un rearreglo de tipo inversión pericéntrica en el cromosoma seis.

DESCRIPCIÓN DEL CARIOTIPO DE DOS ESPECIES DE *Oryzomys*

¹Urbina S. I., ¹Aguilar S. M. A., ²Arellano A. E., ²González. C. F. y ³Rogers, S.D.

¹Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa., ²Universidad Autónoma del Estado de Morelos., ³ Department of Zoology, Brigham Young University.

pirmar@yahoo.com.mx

El género *Oryzomys* comprende cerca de 100 especies incluidas en 8 subgéneros que se distribuyen desde el Este de los Estados Unidos hasta América del Sur; en México se han descrito 14 especies: *O. alfaroi*, *O. capito*, *O. caudatus*, *O. chapmani*, *O. couesi*, *O. cozumelae*, *O. fulgens*, *O. fulvescens*, *O. guerrerensis*, *O. hylocetes*, *O. melanotis*, *O. nelsoni*, *O. peninsulae* y *O. rostratus*, (Goldman, 1918; Corbet y Hill 1991).

De ellas se han reportado los cariotipos de sólo cinco especies *Oryzomys alfaroi*, con $2n=60$ y $NF=104$, *O. caudatus* con $2n=58$ y $NF=68$, *O. couesi* con $2n=56$ y $NF=56$, *O. fulvescens* con $2n=60$ y $NF=74$ y *O. melanotis* con $2n=62$ y $NF=70$, (Gadner y Patton, 1966).

En este trabajo se reportan por vez primera los cariotipos de dos de las especies que habitan en México *O. chapmani* de Oaxaca, Guerrero e Hidalgo; y *O. couesi* de una población del estado de Michoacán.

Se colectaron 7 individuos de *O. chapmani*, 2 en Pápalo, Oaxaca, 1 en El Tejocote, Guerrero y 4 en Río Chiflón, Hidalgo; de *O. couesi* se colectaron 2 individuos en una localidad de Dos Aguas, Michoacán.

De *O. chapmani* se encontraron tres citotipos, uno distinto en cada localidad, con $2n=54$, 56 y 58 , y de *O. couesi* uno con $2n=54$ el cual difiere del descrito por Gadner y Patton en el número diploide.

Con estos resultados podemos concluir que probablemente existe variación cromosómica a lo largo de la distribución de estas dos especies de *Oryzomys*.

DESCRIPCIÓN DEL CARIOTIPO DE *Sigmodon hispidus*.

¹Alvarado V. E., ¹Schiavon N. S., ¹Urbina S. I., ¹Aguilar S. M. A., ²Arellano A. E.,
²González. C. F. y ³Rogers, S.D.

¹Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa., ²Universidad Autónoma del Estado de Morelos., ³ Department of Zoology, Brigham Young University.
pirmar@yahoo.com.mx

El género *Sigmodon* está representado por trece especies que se distribuyen desde el sur de Estados Unidos hasta Panamá y la mayor parte de las especies se encuentran ampliamente distribuidas a lo largo de la República Mexicana.

De *Sigmodon hispidus* se ha descrito el cariotipo sólo de ejemplares provenientes de localidades de Estados Unidos de América. En Mississippi, Carolina del Norte, Tennessee y Florida; el número diploide es $2n=52$ y el número fundamental es variable, de 52 a 54. Para las poblaciones de Arizona, el $2n=22$ y el $NF=38$ (Zimmerman y Lee, 1968). Estos datos sugieren que existe variabilidad cromosómica en esta especie.

Este trabajo tiene como objetivo describir el cariotipo de *S. hispidus* de una localidad de México, Dos aguas, Michoacán. Se colectaron dos individuos de la especie, una hembra y un macho, de los cuales se obtuvieron los cromosomas de la médula ósea con base en la técnica propuesta por Baker (2003); se tiñeron convencionalmente empleando colorante de Giemsa, se analizaron 40 mitosis por individuo para obtener el número modal y determinar así el número cromosómico de esta especie en esa localidad. Posteriormente se elaboró el cariotipo siguiendo el criterio de clasificación cromosómica de Patton (1967).

Los resultados muestran que *S. hispidus* tiene un número diploide $2N=52$ y $NF=66$, el cariotipo consiste de 8 pares de cromosomas birrámeos, 17 acrocéntricos y el X y Y fueron birrámeos, siendo el X de mayor tamaño. Este cariotipo difiere de los descritos por Zimmerman y Lee en las poblaciones de Mississippi, Carolina del Norte, Tennessee y Florida sólo en el número fundamental, y del de Arizona difiere tanto en el número diploide como en el número fundamental.

Por lo tanto, se reporta un nuevo citotipo para *S. hispidus* en una población mexicana y se confirma la variabilidad cromosómica de la especie.

ANÁLISIS CARIOTÍPICO DEL RATÓN DE CAMPO *Peromyscus maniculatus* DE TLAJOMULCO, IXTACAMAXTILÁN, PUEBLA

Enciso-Gallegos NE, Martínez-Vázquez J, González-Monroy RM, Alonso-Rodríguez C.

Laboratorio de Mastozoología, Escuela de Biología, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Edificio 112 A, Ciudad Universitaria, C.P. 72570. Puebla, Puebla.
nimi_kytty110@hotmail.com, jesusmartinez90@hotmail.com

Históricamente los roedores fueron de los primeros organismos en ser estudiados a nivel cariológico lo que aportó información sobre la variación de la estructura de las poblaciones en el proceso de formación de nuevas especies. Dentro del Orden

Rodentia, el género *Peromyscus* ha sido el más estudiado obteniendo el registro de diferentes especies, desde descripciones de comportamiento, ecología, biología molecular y citogenéticas. El presente estudio analizó el cariotipo convencional del ratón de campo *Peromyscus maniculatus* del municipio de Ixtacamaxitlán, Puebla. Se realizaron muestreos en Tlajomulco utilizando trampas Sherman conteniendo hojuelas de avena con vainilla para capturar vivos a los roedores silvestres. En el laboratorio se realizó el método de extracción de médula ósea para la obtención de cromosomas. Se elaboran laminillas con este material y se observaron al microscopio óptico con los objetivos de 10x y 40x, una vez identificados los campos se observaron con el objetivo de 100x se elegirán los mejores campos para la toma de fotografías. Los resultados indican que *Peromyscus maniculatus* presenta $2n=48$ y $NF=58$. En donde sus cromosomas autosómicos están constituidos por seis birrámeos y 17 pares de unirrámeos, el cromosoma sexual X fue submetacéntrico grande y el cromosoma sexual "Y" fue telocéntrico pequeño.

DESCRIPCIÓN CROMOSÓMICA DE *Peromyscus levipes* DE TECALI DE HERRERA, PUEBLA

Loeza-Calixto G, Martínez-Vázquez J, González-Monroy RM,

Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Laboratorio de Mastozoología, clybag@yahoo.com.mx, jesusmartinez90@hotmail.com

El análisis cariológico es una herramienta útil en el estudio genético y sistemático de mamíferos, pues proporciona información significativa sobre su evolución y taxonomía. Los estudios cromosómicos apoyan a los estudios sistemáticos, actualmente se conoce la importancia de los datos que apoyan los citogenetistas sobre el número y la morfología cromosómica y su significado en las relaciones filogenéticas entre diferente taxa. El objetivo del presente estudio fue realizar la descripción del cariotipo de roedor silvestre *Peromyscus levipes* de Tecali de Herrera, Puebla. Para capturar vivos a los ratones se utilizaron trampas tipo Sherman. A los ejemplares colectados de *Peromyscus levipes* se les realizó la técnica de extracción de médula ósea para obtener los cromosomas y describir el cariotipo convencional. Los datos indican que *Peromyscus levipes* presenta número diploide ($2n$) de 48 y un número fundamental (NF) de 60, los autosomas corresponden a siete pares de cromosomas birrámeos, de los cuales cinco son submetacéntricos, dos subtelocéntricos y 16 pares acrocéntricos de grandes a pequeños. Con respecto al par sexual el cromosoma sexual "X" fue submetacéntrico y el "Y" fue submetacéntrico pequeño.

DESCRIPCIÓN CROMOSÓMICA DE *Peromyscus difficilis* DE TLAJOMULCO DEL MUNICIPIO DE IXTACAMAXITLÁN, PUEBLA

Alonso-Rodríguez C, Martínez-Vázquez J, González-Monroy RM, Enciso-Gallegos NE.

Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Laboratorio de Mastozoología, pator_3@hotmail.com, jesusmartinez90@hotmail.com

Los estudios biológicos y citogenéticos de las especies nos permiten conocer y clasificar mejor a aquellos organismos de los cuales se tiene escasa información, así como construir árboles filogenéticos al considerar las diferencias y semejanzas en forma y tamaño de sus cromosomas. El cariotipo es el conjunto de cromosomas convenientemente ordenado que define cada especie. El objetivo del presente estudio fue realizar la descripción del cariotipo del ratón de campo *Peromyscus difficilis* en la comunidad de Tlajomulco del municipio de Ixtacamaxtitlán, Puebla. Se utilizaron trampas tipo Sherman para capturar vivos a los organismos. A los ejemplares colectados de *Peromyscus difficilis* se les realizó la técnica de extracción de médula ósea para obtener el cariotipo convencional y fueron teñidas con Giemsa. Los resultados indican que *Peromyscus difficilis* presenta número diploide ($2n$) de 48 y un número fundamental (NF) de 66, los autosomas corresponden a 10 pares de cromosomas birrámeos, de los cuales dos son metacéntricos, ocho subtelo-céntricos y 13 pares acrocéntricos de grandes a pequeños. Con respecto al par sexual el cromosoma sexual "X" fue subtelo-céntrico grande y el "Y" fue telocéntrico pequeño.

ANALISIS DE LA VARIABILIDAD GENETICA DE TRES POBLACIONES DE LA LAGARTIJA DE COSTADO MANCHADO *Uta stegnejeri* EN EL NORTE DE MEXICO

Vera RN , Martínez, MA y Bojórquez RG

Laboratorio de Biología Celular y Genética, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, 32310, Anillo Envolvente Pronaf S/N, Ciudad Juárez, Chihuahua, México Tel: 01 656 6881886, Fax: 01656 6881886, e-mail: gbojorqu@uacj.mx.

El Norte de México representa una región geográfica que se ha caracteriza por la ocurrencia de diversos eventos geológicos que incluyen el levantamiento de la Sierra Madre Occidental y la separación de la Península de Baja California, ocasionando el surgimiento de sub-poblaciones de las especies que se han desarrollado en la región y han sido aisladas por tiempos prolongados debido a las barreras geográficas. Entre las especies que habitan esta región se encuentra la lagartija de costado manchado *Uta stegnejeri*, especie que ha sido objeto de múltiples estudios de corte reproductivo, fisiológico, ecológicos y evolutivo. Estudios genéticos comparando poblaciones de la especie existen solo para las islas del Golfo de México y de la Península de Baja California así como para el sur de California en Estados Unidos de Norteamérica. El objetivo de este trabajo fue estudiar la variabilidad genética de *Uta stegnejeri* entre poblaciones de Baja California, Sonora y Chihuahua mediante marcadores ISSR. Para esto se obtuvieron 44 muestras de tejido de las cuales se aisló ADN y se amplificaron secuencias a partir de cuatro oligonucleotidos del tipo ISSR. De esta información se obtuvieron los siguientes parámetros poblacionales: Heterocigosidad esperada (H_e); Heterocigosidad sin sesgo de Nei (U_{He}); Grado de diferenciación poblacional vía AMOVA (Φ_{sp}) y de Nei (G_{st}); Distancias e identidades genéticas y Número de migrantes por generación (N_m). Los resultados indican una alta variabilidad genética en las poblaciones de Chihuahua y Baja California ($U_{He} = 0.24$), mientras que en las de Sonora es menor ($U_{He} = 0.15$), con bajos niveles de flujo

genético entre las tres poblaciones ($Nm < 1$). Por otro lado, la población de *Uta stegnejeri* presente en Chihuahua tiene una marcada diferenciación genética con respecto a las poblaciones de la península ($\Phi_{sp} = 0.30$) y de Sonora ($\Phi_{sp} = 0.34$). Los resultados obtenidos muestran congruencia entre la composición genética de *Uta* y la historia geológica de la región, lo que indica que esta técnica es un buen complemento para otro tipo de marcadores, como el ADN mitocondrial, para el estudio de la historia evolutiva, filogenia y filogeografía de *Uta stegnejeri*.

ANÁLISIS CITOGENÉTICO DE LÍNEAS TRANSLOCADAS EN *Anastrepha ludens* (DIPTERA: TEPHRITIDAE)

García M.V., Zepeda C.S.
viga_mar@hotmail.com

Campaña Nacional Moscas de la Fruta DGSV-SAGARPA, México.

Desde que la energía atómica fue descubierta por la humanidad, ésta ha sido utilizada con diversos propósitos. Uno de los usos pacíficos de esta energía es la aplicación en métodos de control de plagas; por ejemplo en la esterilización de insectos con el propósito de disminuir la tasa de natalidad de las poblaciones silvestres logrando controlar y/o erradicar plagas tan importantes como la del gusano barrenador *Cochliomyia homnivorax* y, recientemente, en la construcción de Líneas Sexadas Genéticamente (LSG) mediante la inducción de translocaciones con las cuales es posible criar y esterilizar únicamente machos como actualmente se hace en el programa de la mosca del mediterráneo *Ceratitis capitata*. En el caso de la mosca mexicana de la fruta *Anastrepha ludens*, a la fecha se han construido 10 LSG utilizando como marcador genético la mutante pupa negra (*bp*) y para determinar su estabilidad y productividad son necesarios los estudios citogenéticos por lo que el objetivo del presente trabajo fue analizar el cariotipo de tres LSG de *A. ludens*. Para realizar este estudio se trabajó con las LSG Tbp1, Tbp4, Tbp7 y la línea silvestre “Chiapas” como testigo; se elaboraron preparaciones de cromosomas mitóticos a partir del ganglio cerebral de larvas de tercer estadio con la técnica air-dry y haciendo bandeó C. La longitud de cada cromosoma fue registrada y con base en ella se calculó la longitud relativa. El análisis de las fotografías obtenidas muestran que la translocación ocurrió entre el cromosoma 2 y el cromosoma sexual Y. En el caso de las líneas Tbp1 y Tbp7 la longitud relativa del fragmento translocado es del 3.46% y del 2.31% respectivamente mientras que la línea Tbp4 presenta una gran pérdida de material genético así como también la falta de apareamiento mitótico lo que dificulta la medición y el reconocimiento de los cromosomas ya que en esta especie el bandeó C solo tiñe un extremo de los cromosomas sexuales. Estos resultados se ven reflejados en la fertilidad de las líneas siendo la Tbp7 la más fértil y la Tbp4 la de menor fertilidad debido a la gran cantidad de daño inducido por la irradiación.

Jueves 8 de octubre

SESIÓN DE CELEBRACIÓN: “200 ANIVERSARIO DEL NACIMIENTO DE CHARLES DARWIN Y 150 ANIVERSARIO DE *EL ORIGEN DE LAS ESPECIES*”.

CONFERENCIA

DARWIN: CONTRIBUCIÓN AL CONOCIMIENTO DE LA VARIACIÓN Y LA SELECCIÓN NATURAL EN PLANTAS Y ANIMALES.

Carlos Márquez B.

Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Baja California Ensenada, B.C.,
México 22800, cmarquez@uabc.mx

Charles Darwin

Charles Robert Darwin nació el 12 de febrero de 1809, en Shrewsbury, Inglaterra. Su nombre deriva de la combinación de Charles, en honor de uno de sus tíos que ya había fallecido y Robert, el nombre de su padre. En 1817 muere su madre Sussanh, cuando tiene sólo 8 años. Asiste a la escuela elemental en su ciudad, pero no es un estudiante brillante, aunque se le recuerda como inventor de historias. Al año siguiente, Charles y su hermano Erasmus, asisten a las clases de lectura y gramática greco-latina, con cual se inicia en la lectura de los clásicos.

En 1822, ambos hermanos establecen un modesto laboratorio de química en el jardín de su casa. Muestra fascinación por los experimentos químicos y es ahí donde aprende los principios básicos de la experimentación científica. Alrededor de junio de 1825, Robert Darwin manifiesta su preocupación por el joven Charles, que ya tiene 16 años, puesto que se le observa poco interés en la escuela. Por lo que en octubre de ese año, decide enviarlo a estudiar medicina a la Universidad de Edimburgo, Escocia, para que continúe la tradición familiar. Pero, sólo estudia dos años de medicina, ya que abandona la escuela en 1827. No obstante, el contexto de aquella buena universidad le brinda la oportunidad de visitar museos y aficionarse por la historia natural formal.

A pesar de no ser un estudiante de medicina exitoso, acude con frecuencia a la Sociedad Pliniana y el 27 de marzo de 1827, contando con 18 años, presenta su primera ponencia científica. Posteriormente viaja a la Universidad de Cambridge, con el propósito de estudiar para clérigo. En el ambiente de Cambridge, tiene la fortuna de interactuar con eminentes maestros, entre ellos el botánico John Stevens Henslow, cuyas clases atiende con fascinación y confirma su orientación por la historia natural, en esas fechas decide ser naturalista. Otra distinguida personalidad es el Profesor de Geología Adam Sedgwick, a cuyas clases también asiste y aprende los fundamentos de esta ciencia, que lo preparan para hacer estudios geológicos durante su viaje en el Beagle.

Darwin inicia su viaje alrededor del mundo en el HMS Beagle, el 27 de diciembre de 1831, su papel es el de naturalista. Es un viaje prolongado en el cual visita Argentina, Chile, Perú, y desde luego las famosas Islas Galápagos, entre otros numerosos lugares. Regresa a Inglaterra en octubre de 1836.

A partir de su retorno a Inglaterra, cuando Darwin cuenta con 27 años, se sumerge en la tarea de revisar sus cuadernos de notas, comparar y analizar datos, realiza una intensa actividad de reflexión, síntesis y redacción de documentos, que hasta la fecha son la fuente de estudios rigurosos de historia y filosofía de la ciencia, pero lo son también para la reinterpretación y el análisis de sus aportaciones a las ciencias bajo la luz del conocimiento actual.

Darwin escribió al menos 25 obras que hoy se conocen sobre varios temas de Geología, Zoología, Botánica, y desde luego hizo énfasis en los problemas del origen de las especies y el origen del hombre. Es reconocido como una de las mentes más brillantes, creativas y controversiales de toda la historia. Trabajó intensamente a pesar de sus padecimientos hasta casi el final de su vida, muere en 1882.

Las variaciones en los organismos y su selección antes de Charles Darwin.

Diversas culturas en numerosas regiones del mundo, han generado razas de animales y variedades de plantas para su utilización como alimentos, materias para elaborar ropa, calzado, casa, y diversos artículos adicionales. Así, hoy se conoce que existen variedades de papa propias del Perú, de maíz de México, de uvas empleadas en la elaboración de vinos de España y Francia. En consecuencia puede afirmarse que: (1) los humanos han observado variaciones de interés para la producción agrícola y ganadera, desde antes de que existiera una ciencia sólida, (2) han realizado la selección de variaciones específicas y además las han propagado, (3) tales variedades han resultado adecuadas para ser productivas en ambientes específicos, y (4) la propagación de variedades de plantas y animales a través de cientos de generaciones ha conducido a lo que en la actualidad se denominan variedades nativas, ó propias de un lugar del planeta, que en el presente tienen además de su significado biológico, un enorme valor económico, cuando se convierte en uno de los fundamentos para las “denominaciones de origen” de vinos, de quesos, entre otros productos.

Esto resume la práctica de la selección natural y artificial de variaciones genéticas que se manifiestan como fenotipos con un elevado valor adaptativo.

Pero los individuos que realizaron tales actividades antes del nacimiento de Charles Darwin y de Gregor Mendel, no tenían conocimientos escolarizados de Genética ni de Selección; por lo que toda su actuación pre-científica estuvo fundamentada en el ensayo y la observación de los aciertos y errores.

Las contribuciones de Darwin.

Las aportaciones que Darwin hizo en el campo de la ciencia son numerosas, pero su libro mas famoso es: “*El Origen de las Especies por Medio de la Selección Natural, O la Preservación de las Razas Favorecidas en la Lucha por la Vida*”, cuyo título resumido y más conocido es: “*El Origen de las Especies*”.

La publicación de dicha obra fue el 24 de noviembre de 1859; diversos autores mencionan que la primera edición constó de 1250 ejemplares, pero el hecho es que toda la edición se agotó el primer día. El trabajo de Darwin fue leído junto con el de otro naturalista muy destacado, Alfred Russell Wallace, en la misma sesión de la Sociedad Lineana, en julio de 1858.

El primer capítulo de *El Origen* lleva por título: La variación en la domesticidad. Aquí se hace énfasis en dos aspectos que pueden afectar la diferencia entre los individuos: La naturaleza del organismo y la naturaleza de las condiciones en las que se desarrolla. Insiste en que no es lo mismo el desenvolvimiento de un individuo en condiciones domésticas que en su ambiente silvestre. Para sostener un planteamiento en el cual insistió, que denominó la singularidad de las leyes de la reproducción, con frecuencia citaba numerosos ejemplos como el de los carnívoros de los trópicos que procreaban muy bien en cautiverio, en tanto otros no. Entonces para Darwin no existían principios generales que determinaran las variaciones y su transmisión a las generaciones siguientes.

Darwin no conocía las leyes que rigen la transmisión de los caracteres de padres a hijos, en parte por una razón histórica: La publicación de Mendel data de 1866, entonces aparece en las librerías siete años después de la publicación de *El Origen*. Darwin reconoce su desconocimiento de este hecho en un párrafo del primer capítulo en donde señala: “Se desconocen absolutamente las leyes que gobiernan la herencia: nadie puede decir porqué se transmite a veces y porqué otras veces no se transmite una peculiaridad en diferentes individuos de la misma especie ó en individuos de especies diferentes; porqué vuelve a menudo el hijo a determinados caracteres del abuelo o de la abuela,...”

Entonces cabe la pregunta: ¿Porqué Darwin es tan reconocido en el contexto de los científicos que abordaron la variación interindividual dentro de una especie y entre especies? Las razones son diversas, pero varias sobresalen.

(1) En su teoría de la Selección Natural establece como necesario el hecho de que primero deben de existir variaciones entre los individuos de manera tal que en un ambiente determinado con espacio y recursos limitados, unos puedan sobrevivir mejor que otros, y que unos sean más capaces que otros en conseguir pareja y reproducirse. Por lo tanto, entre los individuos ocurrirá un tipo de competencia, que conducirá a un éxito diferenciado en cuanto a la sobrevivencia y a la cantidad de descendencia lograda para integrar las generaciones futuras. Este es uno de los fundamentos de la adecuación ó eficacia biológica.

(2) El fue el primer autor que dedicó tres grandes capítulos de su libro más destacado, a tratar de explicar la variación: El capítulo I, “La Variación en la Domesticidad”, capítulo II, “La Variación en la Naturaleza” y capítulo V, “Las Leyes de la Variación”.

Darwin trató de explicar la variación y para ello utilizó uno de sus destacados recursos: la argumentación fuerte y con una enorme cantidad de ejemplos sobre diversos tipos de las variaciones en el tamaño, el color, el grosor de la piel y las plumas en animales. Así incluyó explicaciones de osos, hurones, conejos, ovejas, cerdos, perros, pollos, y desde luego también dedicó varias hojas en las que abordó las variaciones de las palomas. También presentó ejemplos de plantas, anotando las propiedades de la savia, comentó el origen de las plantas “caprichosas” ó plantas con variaciones novedosas que son productos inesperados de plantas conocidas.

En el primer capítulo, también incluye dos expresiones: La Selección continuada y la selección inconciente. En donde concluye que a pesar de que los criadores de animales de su época trataban de obtener razas mejoradas a través de la selección y cruce de los mejores ejemplares, no necesariamente el proceso los conduciría al éxito.

Comenta que en algunos casos lo que lograron producir fueron razas menos favorecidas, ó menos ventajosas, en comparación con sus ancestros.

(3) Se dedica con entusiasmo y a lo largo de muchos años al estudio de la variación, de manera tal que en 1868 publica: “*Las variaciones de Animales y Plantas bajo Domesticación.*”

La teoría de la selección natural.

La teoría de Darwin es designada como selección natural, no es la teoría de la evolución. De hecho, prácticamente no utiliza dicho término. En su obra *El Origen de las Especies* dedica gran parte del volumen a explicar su teoría y a argumentarla con numerosos ejemplos demostrados y comprobados por diferentes autores. Esta multitud de hechos son los que le dan solidez y el *status* de ciencia que es sostenida por evidencias empíricas y no por especulaciones.

La selección natural es el proceso por el cual algunos individuos de la población que tengan uno ó más atributos que les confieran ventajas sobre otros, tendrán más oportunidades de sobrevivir y de reproducirse, con lo que se garantiza la continuidad de un grupo de individuos. En tanto que los que poseen cualidades desventajosas serán menos competentes en la lucha por la supervivencia y tendrán menos posibilidades de transmitir sus características a la descendencia. Los linajes favorecidos a su vez tendrán la oportunidad de continuar por un tiempo indefinido, ó bien diferenciarse paulatinamente hasta generar nuevas razas, subespecies ó especies que tendrán en común un ancestro.

El concepto original de Darwin es en un sentido básico, el mismo que en la actualidad se emplea. La enorme diferencia es que la teoría de la selección natural se desarrolló a lo largo del siglo XX, y además se demostró que existen otros mecanismos no descritos por Darwin, que conducen a los procesos de cambio en los individuos, las poblaciones y las especies. Además se han desarrollado numerosos avances conceptuales, tecnológicos y científicos, que han convertido los principios de Darwin en la ciencia sólida de la Evolución Biológica actual, fundamentada en la Genética, la Biología Molecular, la Filogenética, las Matemáticas, la Computación y la Bioinformática, entre otras.

La mayoría de los historiadores de la ciencia, coinciden en que Darwin utiliza en sus escritos, por primera vez, la expresión selección natural en 1842. Sin embargo existe otro grupo de autores que sostienen que el concepto como tal, surge a través de su largo viaje cuando la naturaleza le muestra una enorme diversidad de especies emparentadas, en las islas que distan pocos kilómetros entre si. En los textos de 1842 además presenta diversos elementos que constituyeron el eje central de la teoría darwiniana del cambio en las especies. En los textos de 1842 y en “*El Origen de las Especies*” el concepto de selección natural es sostenido por un análisis de los procedimientos de los horticultores y de los criadores de animales. No aparece aún el concepto que se conoce en el presente como Selección Artificial, que se distingue de la Selección Natural, porque en la artificial, los humanos son los agentes que seleccionan. No obstante, el concepto de Darwin “Selección inconciente” está muy relacionado con el de Selección artificial actual.

Selección Artificial

Son numerosos los ejemplos de la selección de una variación causada por agentes ambientales. Uno de los casos clásicos es el de las polillas blanquecinas y las de color oscuro, en donde se incrementa la proporción de polillas oscuras que sobreviven en los lugares con paredes y superficies cubiertas con hollín, en tanto que la desventaja es para las polillas incapaces de mimetizar el color, en este caso las blanquecinas.

Cuando principia la época de los insecticidas se conocen ejemplos de selección hacia la resistencia a estos agentes químicos, como el caso de las moscas domésticas, *Musca domestica*, cuya resistencia al DDT fue reportada por vez primera en 1947. A la fecha se conoce más de 100 especies resistentes a algún insecticida.

A partir de los años setenta varias especies de bacterias que causan enfermedades severas e infecciones han evolucionado hacia la resistencia a los antibióticos, destacando entre ellas: *Shigella* sp. que causa diarrea, *Salmonella* sp. que produce intoxicación por el consumo de alimentos contaminados, *Neisseria gonorrhoeae* que es responsable de la gonorrea, *Mycobacterium tuberculosis*, que es el patógeno causal de la tuberculosis y que a partir de la década de los ochenta a generado cepas muy resistentes.

La selección artificial también ha generado aspectos positivos en cuanto a que se ha aplicado para producir alimentos. Por medio de los procesos clásicos de selección y cruce, en la actualidad las gallinas de granja producen más del doble de huevos y la cantidad de carne en la pechuga es mayor en porcentaje al peso corporal total. Hace varias décadas las vacas producían alrededor de 25 litros de leche, en la actualidad se ha duplicado en las vacas de establo. A principio de siglo XX el maíz contenía entre 4 y 5% de aceite y después de 50 generaciones de selección alcanzó de 16 a 18%.

Por estas razones se puede plantear que los principios de la selección de Darwin están demostrados como válidos por medio de numerosos experimentos a corto y largo plazo, en poblaciones domésticas y silvestres. Los principios de la selección de variaciones útiles han aportado enormes beneficios a la humanidad debido a que se han aplicado en la producción de alimentos de origen animal y de plantas, los fármacos que se han logrado resultan eficaces para contrarrestar o aliviar padecimientos, entre otros.

La vigencia de los principios de la selección de Darwin y los retos del presente.

Resulta válido cuestionar si los principios de la selección darwiniana son vigentes, y si los son, ¿Cuáles son los problemas del presente en donde se pudieran aplicar?

Los principios son vigentes porque las poblaciones continúan presentando variaciones entre sus individuos, éstos a su vez poseen expectativas diferenciadas en cuanto a la supervivencia y a la capacidad para dejar descendencia. Los seres vivos continúan su diversificación y en general se reconoce que la evolución orgánica sigue su curso. Teniendo tales antecedentes, ahora es pertinente reconocer que existen problemas de orden universal. Los de carácter mundial son: (1) La disminución de la cantidad de agua disponible para consumo humano y para la producción agrícola, (2) la salinidad que va aumentando tanto en el agua como en los suelos propios para el cultivo de alimentos, (3) el calentamiento global del planeta, que se espera aumente en al menos dos grados, en los próximos 30 ó 40 años, (4) la presentación de agentes que son el producto de mutaciones aleatorias, que han resultado seleccionadas involuntariamente y que causan padecimientos severos, tales como el virus del Nilo, el virus de la

hepatitis B, HIV, los virus de los distintos tipos de influenza, *Plasmodium falciporom* que causa la malaria provocando millones de muertes cada año, y otras.

Una vez identificados y reconocidos los problemas, sólo queda actuar con todos los recursos disponibles para enfrentarlos. Por ejemplo, si el agua es escasa y cada vez resulta más cara, entonces se pueden seleccionar a las variedades de organismos que sean más tolerantes al “estrés” hídrico. Si los suelos que antes fueron productivos en la actualidad están salinos, entonces para aprovecharlos se puede hacer trabajo de selección para emplear plantas resistentes a la salinidad. Si la temperatura del planeta se está incrementando, y existen regiones específicas en donde se presentan golpes de calor extremos, entonces una opción es lograr variedades que resistan los choques térmicos. Si los virus y otros patógenos evolucionan, también deben de evolucionar los medicamentos. De hecho se puede ir aún mas adelante, al aplicar instrumentos de predicción de la evolución de los patógenos basados en Biología molecular, Genética, Filogenética y Bioinformática.

En suma, los principios darwinianos siguen vigentes y pueden aplicarse junto con los adelantos científicos y tecnológicos más avanzados para resolver problemas relevantes, tales como la producción de alimentos, el tratamiento de ambientes contaminados, el combate de las enfermedades emergentes y graves, además de otros tópicos.

CONFERENCIA

CARACTERIZACIÓN DEL GENOMA DE PLANTAS CON IMPORTANCIAEVOLUTIVA, ECONÓMICA O AMENAZADAS DE EXTINCIÓN

Guadalupe Palomino¹

¹Laboratorio de Citogenética del Jardín Botánico, Instituto de Biología, UNAM, México D.F., C.P. 04510. palomino@ibiologia.unam.mx

Los estudios citogenéticos incluyen el estudio de la variación genética y sus causas y comprenden el análisis del número cromosómico somático ($2n$) durante la mitosis o gamético (n) en los cromosomas en la meiosis y el contenido de ADN (ácido desoxirribonucleico). Recientemente se ha integrado la citogenética molecular, que incluye la comparación de secuencias altamente repetidas y específicas, su localización en los cromosomas por técnicas de hibridación in situ fluorescente (FISH), o hibridación in situ de ADN genómico (GISH) y el análisis de la expresión diferencial de genes y su regulación (Heslop-Harrison, 2000).

Número cromosómico $2n$) y cariotipo- Se observan en células de tejido meristemático, del estudio de los cromosomas mitóticos se obtiene el número de cromosomas somáticos ($2n$) de una planta, la estructura del cariotipo y el nivel de poliploidía. Con esta información se determina el número básico de grupos de ligamiento génico (x) y cuantas veces se repiten, proporcionando un indicador rápido de la similitud genética gruesa entre poblaciones y especies, ya que los genes se encuentran situados en los cromosomas y su ordenamiento en ellos es lineal. Con estos estudios se analiza

también la variación estructural y numérica de los cariotipos de plantas de poblaciones de una misma especie llamados “citotipos” o de especies emparentadas. Esta información es relevante para comprender el papel que juegan los cambios estructurales de los cromosomas en la evolución y especiación de las plantas. El análisis de cromosomas somático también es importante para conocer los niveles de poliploidía, aunque con estos estudios no es posible distinguir entre un autopoliploide y un alopoliploide de origen híbrido (Palomino, 2000).

Cromosomas meióticos- Se analizan en células madres del polen (CMP) contenidas en las anteras de flores inmaduras y se observan al microscopio de luz. Estos análisis permiten conocer el número gamético haploide (n), corroborar el número básico (x) de un grupo de plantas. En la metafase I de la meiosis se observa el número y posición de los intercambios genéticos o quiasmas, lo que determina el grado de recombinación entre genomas individuales, o índice de recombinación (IR) y el grado de segregación génica en la siguiente generación.

Estos estudios han sido fundamentales para investigaciones de evolución y mejoramiento vegetal. Los cambios o mutaciones cromosómicas estructurales heterocigóticas pueden ser detectados por una desviación del comportamiento meiótico usual y con estos análisis pueden determinarse las inversiones para- y pericéntricas, intercambios o fusiones cromosómicas que alteran la posición de los quiasmas y la constitución genética de los gametos resultantes, lo que puede tener efectos drásticos en la fertilidad. Las poblaciones y las especies son frecuentemente diferenciadas por una o más mutaciones de este tipo.

Contenido de ADN- El análisis del contenido de ADN en una especie vegetal se refiere a la cuantificación del tamaño del genoma en picogramos (pg), su composición en millones de pares de bases de nucleótidos (Mpb; 1 pg = 980 Mpb; Bennett *et al.*, 2000) y la detección de poliploides. La cantidad de ADN en el núcleo del genoma haploide o gamético no replicado de una planta se conoce como valor C y el contenido de ADN de un genoma monoploide no replicado con un número de cromosomas x , corresponde al valor $1Cx$ (Greilhuber *et al.*, 2005). El contenido nuclear de ADN en angiospermas con valores grandes puede involucrar más del 90 % y aun el 99 % de secuencias repetidas de ADN, la mayoría de las cuales no son génicas, en comparación con la porción génica del ADN que resulta muy pequeña (10-1 %; Flavel, 1980). En las angiospermas, grupo monofilético de aproximadamente 250 mil especies, el contenido de ADN nuclear del valor C varía cerca de mil veces (Bennett *et al.*, 2000). Existen varios métodos para estimar el valor C de ADN en plantas, el más empleado es la micro-densitometría con tinción de Feulgen y más recientemente se utiliza la citometría de flujo.

Citometría de flujo- Es una metodología que permite el análisis rápido y preciso de la fluorescencia y dispersión de luz en partículas pequeñas (por ej. núcleos u organelos celulares) durante su paso por una corriente líquida, estrecha y definida a través de una fuente de luz intensa, permitiendo estimar la variación intercelular y reconocer poblaciones celulares. Esto permite estimar parámetros como el contenido nuclear del ADN, niveles de poliploidía, duración del ciclo celular, híbridos somáticos, expresión génica, análisis de cromosomas, muerte celular, detección de cánceres, etc. El uso del CF contribuye al conocimiento de la estructura y funciones del genoma y tiene aplicaciones en investigación básica y aplicada. El valor C de ADN en especies de angiospermas es importante en el estudio de la biología y la biodiversidad y

proporciona información utilizada en muchas disciplinas como son: taxonomía, mejoramiento y biotecnología de plantas, evolución del genoma y filogenia, ecología y medio ambiente, biología celular y molecular (Dolezel and Bartos, 2005). En esta presentación se analizarán los siguientes casos de estudio:

1- *Mammillaria*- Se caracterizó el genoma de 7 especies de *Mammillaria* de la serie Supertextae, algunas de ellas amenazadas de extinción, con el objetivo de apoyar su propagación biotecnológica y la conservación *in situ* y *ex situ* de estas especies. Las especies fueron diploides con $2n=2x=22$ y $x=11$. Los cariotipo de estas plantas presentaron pequeñas variaciones en sus cromosomas y todas mostraron 2 pares de cromosomas con satélites. El contenido de ADN varió de 3.04 pg y $1Cx=1489$ Mpb en *M. flavicentra* a 3.205 pg y $1Cx=1570$ Mpb en *M. crucigera*. Todas las especies mostraron un patrón endoploide formado de células 2C, 4C, 8C y 16C..

- *Mammillaria sanangelensis*, Es una especie endémica de la Reserva Ecológica del Pedregal de San Angel, México D. F., se ha reportado extinta. Se muestran los resultados obtenidos en plantas propagadas masivamente por cultivo de tejidos vegetales a partir de plántulas obtenidas de semillas utilizando medio MS suplementado con 5 diferentes auxinas en 3 concentraciones cada una. Las plantas adultas, las propagadas sin auxinas y las propagadas en las 3 concentraciones de auxinas, fueron diploides con $2n = 22= x=11$ y mantuvieron un cariotipo estable conformado de 11 metacéntricos y dos pares con constricción secundaria. Estas planta presentaron un tamaño de genoma 2C de ADN = 3.20 pg y $1Cx=1568$ Mpb y un patrón endoploide formado por células 2C, 4C, 8C y 16C de ADN en porcentajes de 41%, 30%, 17% y 12% respectivamente, que se mantuvo en las plantas testigo y en las propagadas.

2- *Echeandia* (Liliaceae)- Incluye cerca de 78 especies herbáceas perennes de las cuales mas de 60 se distribuyen en México y América Central, muchas son endémicas de México y nuestro país es considerado el centro de distribución del género. Se localizan en vegetación de pino y pino-encinar. Hemos analizado 33 poblaciones de 8 especies y encontrado que todas son diploides con $2n=16$ y $n=8$, el género es monobásico con $x=8$. Cada especie presentó un cariotipo distintivo que varió entre poblaciones de la misma especie. La variación de los cariotipos a nivel inter e intra-específico es el resultado de varios procesos que incluyen translocaciones, (evidenciados en bivalentes heteromórficos en MI de meiosis) e intercambios cromatídicos (tipo U), aberraciones subcromatídicas (tipo SAB) y deleciones heterocigóticas evidenciadas en anafase I de meiosis.

- *Echeandia nana*- Se analizaron 9 poblaciones de *E. nana* mostrando solamente 2 citotipos, uno de ellos ($A=1er$ citotipo= $6m+8sm+2st$) se presentó en 5 poblaciones localizadas en la parte oriental de la sierra de Pachuca. Las otra 4 poblaciones localizadas en la porción occidental de estas montañas, mostraron el segundo citotipo ($B=2do$ citotipo= $10m+8sm$). Suponemos que la sierra de Pachuca es una barrera geográfica que ha aislado a las poblaciones produciendo esta variación intra-específica y favorecido la aparición de los 2 citotipos. La diferenciación génica del genoma de los 2 citotipos se corroboró al encontrar un número bajo de frutos (0-16) y gran número de semillas abortivas (0-448), resultado de la fecundación cruzada de plantas de los 2 citotipos (AxB) y compararlos con los obtenidos con las cruza dentro de los citotipos: $AxA =40-48$ frutos; 152-1824 semillas y $BxB = 30-89$ frutos; 114-3382 semillas).

Agave- Se analiza el 2n, cariotipo, contenido de ADN nuclear y los niveles de poliploidía de 8 variedades de *A. tequilana* utilizado para elaborar el tequila y de varias especies de agaves mezcaleros. Presentan genotipos muy variables de alta plasticidad, lo que favorece que se originen una gran cantidad de ecotipos. *Agave* tiene un número básico $x=30$, el cual comprende un complemento de 5 cromosomas grandes y 25 pequeños y ha sido considerado un cariotipo bimodal. Se analizan los mecanismos de variación y evolución inter e intra-específica en los cariotipos y en el tamaño del genoma en especies de *Agave*.

Literatura citada

Bennett M.D., P. Bhandol and I. J. Leitch. 2000. Nuclear DNA amount in angiosperms and their modern uses-807 new estimates. *Annals of Botany* 86: 859-909.

Dolezel j. and J. Bartos. 2005. Plant DNA flow cytometry and estimation of nuclear genome size. *Annals of Botany* 95: 99-110.

Flavel R. B. 1980. The molecular characteristics and organization of plant chromosome DNA sequences. *Annual Review of plant Physiology* 31: 569-596.

Greilhuber J., J. Dolezel, M. Lysak and M. D. Bennett. 2005. The origin, evolution and proposed stabilization of the terms genome size and C-value to describe nuclear DNA contents. *Annals of Botany* 95: 255-260.

Heslop-Harrison J. S. 2000. Comparative genome organization in plants: From sequences and markers to chromatin and chromosomes. *Plant Cell* 12: 617-636.

Palomino G. 2000. Genome analysis of Mexican flora. *Genetics and Molecular Biology* 23: 921-924.

CONFERENCIA

POLIMORFISMO CROMOSOMICO EN TRES ESPECIES DE *Drosophila* QUE HABITAN MEXICO.

Víctor M. Salceda.

Departamento de Biología,

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. Carretera México-Toluca S/N

La Marquesa, Ocoyoacac.

México, C.P. 52750

victor.salceda@inin.gob.mx

En México, el estudio del polimorfismo cromosómico en poblaciones naturales de *Drosophila* ha sido hecho en tres especies: *D. pseudoobscura*, *D. willistoni* y *D. nebulosa*. La primera es la más ampliamente analizada y se reconocen 27 inversiones diferentes correspondiente al 67.5 % de la variabilidad de la especie para esta característica y así identificar cuatro diferentes razas, a partir de las diferentes colectas se detectaron nuevas inversiones que ha permitido reestructurar el árbol filogenético para esta característica, además en base a estas nuevas inversiones y otras evidencias se postuló como arreglo ancestral el Tree Line (TL) y se sugiere como centro de origen de la especie la región en que colindan los estados de Michoacán y Zacatecas, esto en base al alto número de inversiones presentes en el área. También es posible encontrar gradientes geográficos para algunas inversiones tanto en localidades distantes como a nivel micro geográfico. Con respecto a las otras dos especies se hizo un estudio de

colectas semestrales por un periodo de ocho años en los que cabe señalar un alto grado de diversidad para la frecuencia de inversiones con respecto al total de inversiones conocidas de cada especie equivalente al 64.3 % para *D. willistoni* y del 52.9% para *D. nebulosa*. Además en ambas especies se cuantificó el número promedio de inversiones por hembra de 2.57 para *D. willistoni* y de 1.57 para *D. nebulosa*, esta última característica las sitúa dentro del área marginal de la distribución de la especie sin embargo conservan un alto grado de diversidad que aparentemente no les correspondería debido a su marginalidad.

CONFERENCIA

GENÉTICA DE LAS POBLACIONES MEXICANAS DE *D. pseudoobscura*.

J. Guzmán¹, V.M. Salceda² y O. Olvera. ¹Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM; ²Departamento de Biología Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares.

Una especie que ha permitido hacer avances sustantivos al respecto es *Drosophila pseudoobscura*, la cual tiene una distribución geográfica que abarca desde la Columbia Británica en Canadá, todo el Oeste de Estados Unidos, México y Guatemala, habitando en sitios de clima templado de preferencia bosques mesófilos de pino-encino. Posiblemente por razones geográficas y climatológicas no se encuentra en América Central, pero reaparece nuevamente en el altiplano colombiano, como consecuencia de los cambios ambientales. Se desconocen sus requerimientos alimenticios específicos pero se mantiene fácilmente en el laboratorio. Presenta cromosomas politénicos que son el resultado de sucesivas endomitosis y que están formados por 1024 cromosomas unidos.

Dobzhansky y Sturtevant mostraron que los cromosomas tienen la peculiaridad de sufrir inversiones múltiples que son mantenidas en las poblaciones.

Aunque inicialmente se pensó que las inversiones constituían variantes neutrales irrelevantes para la adaptación evolutiva, pronto se encontró que estos polimorfismos están expuestos a una fuerte presión selectiva, lo suficiente como para que la dinámica del proceso pudiera ser estudiado en un lapso de tiempo razonable como para ser redituable el esfuerzo al ser sujeto a manipulación y observación experimental.

El interés del Profesor Theodosius Dobzhansky en las poblaciones mexicanas de *D. pseudoobscura* empezó en 1935 con su viaje de colecta por Colorado, Arizona, Nuevo México y México, al encontrar que las muestras de éstas poblaciones parecían mostrar una fuente inagotable de inversiones del tercer cromosoma.

Casi 40 años más tarde, en el 1er Congreso de Genética en México, organizado por el Dr. Alfonso L. de Garay, se estableció el contacto de Theodosius Dobzhansky y Louis Levine con los Drosophilistas mexicanos Rodolfo Félix, Olga Olvera, Ma. Esther de la Rosa, Víctor Manuel Salceda y Judith Guzmán y se realizaron los arreglos necesarios para que en julio de 1973 se iniciara un proyecto apoyado por la National Science Foundation y por el CONACYT en el que participaría, además de los investigadores mencionados, el Dr. Jeffrey Powell.

Uno de los primeros resultados obtenidos a partir de este proyecto, fue la descripción de una nueva especie del grupo obscura y que fue nombrada *Drosophila cuahutemoci* en honor a Cuahutemoc y que fue publicada en Felix et al, 1976.

Además, Al iniciar el proyecto en 1973 se sabía que el cromosoma 3 de *D. pseudoobscura* tenía una extraordinaria diversidad de rearrreglos cromosómicos, se considera que estos llevan más información histórica que las mutaciones porque son eventos muy raros que ocurren una sola vez en un grupo evolutivo (Olvera et al., 1979), estos arreglos pueden ser utilizados para hacer árboles filogenéticos que describen su evolución. En aquella época se planteaba que el arreglo ancestral era Stándar (ST) y que la especie se había originado en EUA (Fig. 1).

Actualmente, se sabe que, el polimorfismo encontrado en *Drosophila pseudoobscura* es probablemente el ejemplo más intensamente estudiado, los resultados no solo muestran la complejidad de esta filogenia, sino que reflejan su antigüedad. Hasta el momento el árbol filogenético cuenta con 40 arreglos, incluyendo al llamado Hipotético que no ha sido encontrado en ninguna muestra pero cuya secuencia se ha considerado como un paso intermedio entre Santa Cruz (SC) y Standard (ST) (Fig.2).

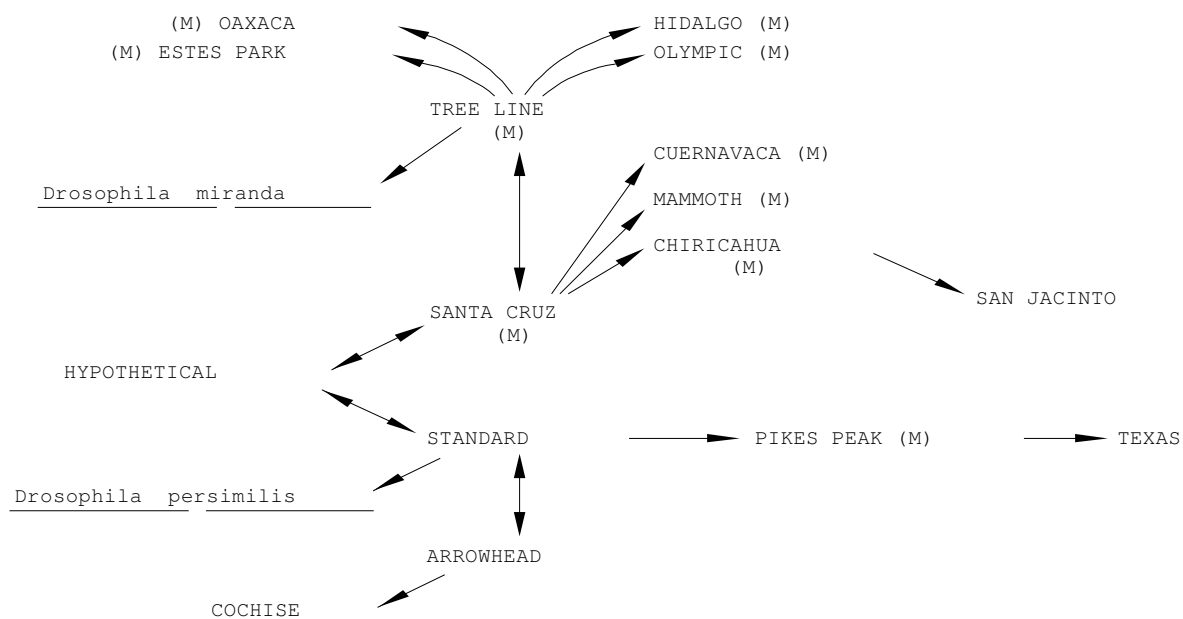


Figura 1 La filogenia de los arreglos génicos en el cromosoma 3 de *Drosophila pseudoobscura*, como se reportó en 1944. Los arreglos encontrados en México están indicados como (M) (Tomado de Olvera et al., 1985)

De los 40 arreglos, 26 (67%) se han reportado en México. Además, el polimorfismo encontrado en las poblaciones mexicanas ha superado ampliamente al reportado para las poblaciones estadounidenses. Si el gran polimorfismo encontrado en las poblaciones del Centro de México es una peculiaridad de las poblaciones de esta área o si esto indica que es el centro de distribución de la especie no se sabe aún, pero existe el concepto de que las poblaciones localizadas en el centro de distribución de una especie se espera que contengan mas variabilidad genética que las poblaciones periféricas, por lo que se postuló en 1979 que México y posiblemente el centro del país

representa el sitio de origen y dispersión de *D. pseudoobscura*, de donde se ha distribuido a los diferentes nichos que actualmente ocupa.

Por otra parte, comparando las figuras 1 y 2 se puede observar el incremento entre 1944 y 1985, en el número conocido de inversiones directamente derivadas del arreglo Tree Line (TL). Ahora hay reportadas 12 secuencias de bandas derivadas de TL comparadas con 6 para SC, 5 para Arrowhead (AR), y 4 para ST. La predominancia de inversiones derivadas de TL aunados al hecho de que TL es un arreglo que se ha reportado en todas las poblaciones estudiadas soportan la tesis de que TL fue el arreglo génico ancestral de la especie, en contraste con la hipótesis anterior en la que se postulaba que era ST el arreglo original (Olvera et al., 1985).

Además, gracias a la gran variabilidad de arreglos encontrados en las poblaciones mexicanas, se pudo determinar que las hembras en la naturaleza son susceptibles de tener apareamientos múltiples y que los machos adultos y los cigotos de la siguiente generación difieren (o no) en la frecuencia de arreglos genéticos y es muy probable que esta selección no sea constante sino que cambie continuamente tanto en dirección como en intensidad en respuesta a un ambiente variable y a los cambios en la constitución genética de cada población (Anderson et al., 1979) y posiblemente juega un papel importante en la adaptación de la especie (Levine et al. 1980).

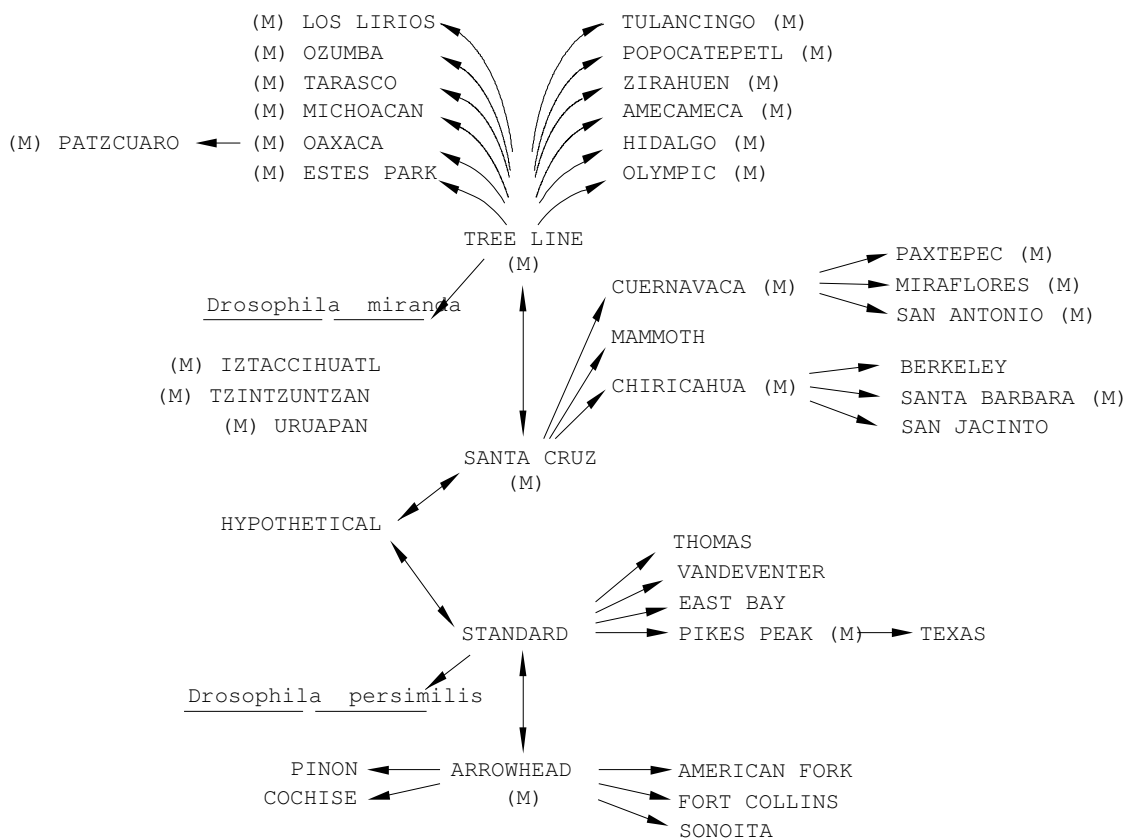


Figura 2. Filogenia de los arreglos del cromosoma 3 de *Drosophila pseudoobscura* en 1985 (Tomado de Olvera et al., 1985).

Con relación a los gradientes geográficos de frecuencias de inversiones, Dobzhansky y Epling notaron que algunas veces las frecuencias de inversiones cromosómicas cambian gradualmente en una dirección geográfica dada y que esas diferencias entre poblaciones son proporcionales a la distancia entre las localidades que habitan, mientras que en otras ocasiones pueden presentarse cambios bruscos. Al respecto, nuestros estudios han revelado que las poblaciones analizadas muestran un cambio gradual en dirección Oeste-Este con relación a los arreglos principales (SC-CU-TL). Comparando nuestros resultados con los reportados por Dobzhansky y Epling en 1944 revelan que algunos arreglos en el norte muestran una tendencia semejante a la mostrada por otros arreglos en el sur. La variación clinal entre las poblaciones localizadas cerca del paralelo 30°N es similar al patrón observado a 20°N, sin embargo, los arreglos cromosómicos que están involucrados en las dos clinas son diferentes (Guzmán et al., 1993). A este respecto se están estudiando mas poblaciones analizando diferentes transectos a lo ancho del país con el objeto de determinar los factores ambientales que modifican frecuencias de las inversiones en poblaciones particulares (Guzmán et al., 2005; Olvera et al., 2005; Salceda et al., 2007).

Los cambios estacionales en las frecuencias de inversiones han sido muy importantes históricamente, proveyendo pruebas del valor adaptativo y de la selección que sufren los bloques de genes incluidos en las inversiones en las poblaciones naturales, sin embargo, parece no existir reglas que predigan si los cambios estacionales son causantes de la ocurrencia de inversiones en una población dada y que tan drásticas o benéficas son para sus portadores. Con base en los estudios realizados hasta ahora y con la información acumulada, aparentemente cada situación podría ser única (Levine et al., 1995).

Para los genetistas interesados en el estudio del proceso evolutivo en poblaciones naturales de *D. pseudoobscura*, los cambios en las frecuencias de inversiones a largo y mediano plazo, ofrecen una oportunidad de monitorear su relación con los cambios ambientales, ya que *Drosophila* ha demostrado ser una extraordinaria herramienta para medir el impacto que tienen las alteraciones ambientales sobre el material genético. En nuestros datos se puede observar la tendencia de los arreglos principales de cada una de las tres poblaciones estudiadas a largo plazo y podemos detectar cambios que coinciden con un cambio importante en el ambiente (Salceda et al., 2007).

Como conclusión, podemos señalar que el estudio de las poblaciones mexicanas de *D. pseudoobscura* ha generado información importante sobre el proceso evolutivo y los resultados de nuestras investigaciones han sido reportados en más de 30 publicaciones en revistas internacionales y en diversos congresos especializados.

BIBLIOGRAFÍA

- Anderson W.W., Levine, L., Olvera, O., Powell, J.R. De la Rosa, M.E., Salceda, V.M. Gaso, M.I. y Guzmán, J. 1979. Evidence for selection by male mating success in natural populations of *Drosophila pseudoobscura*. Proc. Natl. Acad. Sci. 76:1519-1523.
- Dobzhansky, T. 1939. Genetics of natural populations. IV Mexican and Guatemalan populations of *Drosophila pseudoobscura*. Genetics, 24:391-412.

- Dobzhansky T. y C.E. Epling. 1944. Contribution to the genetics, taxonomy and ecology of *Drosophila pseudoobscura* and its relatives. Carnegie Inst. of Washington Publ., 554.
- Felix R., Guzmán J., Levine L., Olvera O., Powell J.R., De la Rosa M.E., Salceda V.M., y Dobzhansky Th. 1976. Population Genetics of Mexican *Drosophila*. II. A new species of the obscura Group of the Genus *Drosophila*. The Pan-Pacific Entomologist 52(2):167-171.
- Guzmán, J., Olvera, O., De la Rosa, M.E. y Salceda, V.M. 1993. Population genetics of mexican *Drosophila*. IX. East-West distribution of inversion polymorphism in *Drosophila pseudoobscura*. E. SouthWestern Naturalist 38: (1) :52-55.
- Guzmán, J., Salceda, V.M. y Olvera, O. y Levine L. 2005. Geographical gradient of chromosomal polymorphism in mexican populations of *Drosophila pseudoobscura*. Rev. Int. Contam. Ambient. 21 (supl.1): 21-25.
- Olvera O., Rockwell, R.F., De la Rosa, M.E., Salceda, V.M., Gaso, M.I., Guzmán, J. Anderson W.W. y Levine, L. 1979. Population genetics of Mexican *Drosophila*. VI. Cytogenetic aspects of the inversion polymorphism in *Drosophila pseudoobscura*. Evolution, 33:381-395
- Olvera O., Rockwell, R.F., De la Rosa, M.E., Gaso, M.I. González, F., Guzmán, J. y Levine, L. 1985. Chromosomal and behavioral studies of Mexican *Drosophila*. III. Inversion polymorphism of *D. pseudoobscura*. J. of Heredity 76:258-262.
- Olvera O., Salceda V.M., Levine L. y Guzmán J. 2005. Chromosomal polymorphism of *Drosophila pseudoobscura* from southern México. Rev. Int. Contam. Ambient. 21 (supl.1): 27-30.
- Levine L., Olvera O., Powell J.R., Rockwell R.F., De la Rosa M. E., Salceda V.M., Anderson W.W. y Guzmán J. 1995. Studies on mexican populations of *Drosophila pseudoobscura*, In: The Continuing Importance of Theodosius Dobzhansky (L. Levine, Ed.) Columbia University Press. New York, pp 120-139.
- Levine L., Asmussen M., Olvera O., Powell J.R., De la Rosa M. E., Salceda V.M., Gaso M.I., Guzmán J., y Anderson W.W. 1980. Population genetics of Mexican *Drosophila*. V. A high rate of multiple insemination in a natural population of *Drosophila pseudoobscura*. Am. Nat. 116(4):493-503.
- Salceda V.M., Guzmán J., Olvera O. y Levine L. 2007. Chromosomal variation in natural populations of *Drosophila pseudoobscura* inhabiting northern Mexico. The South Naturalist. 52(3):430-434.

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES III

VARIACIÓN MORFOLÓGICA Y GENÉTICA DE DOS ESPECIES DE ENCINOS DOMINANTES EN EL ESTADO DE HIDALGO, MÉXICO.

Álvarez-Delgadillo A¹, Sánchez-Hernández M. C¹ y Sánchez-González A²

E-mail: tonalva2010@yahoo.com.mx; mcarmen@uaeh.edu.mx

¹ Laboratorio de Genética Evolutiva y Ambiental, ² Laboratorio de Sistemática vegetal, ^{1,2} Centro de Investigaciones Biológicas, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Carretera Pachuca-Tulancingo Km 4.5, Mineral de la Reforma, Hidalgo, C. P 42184.

Las características foliares se encuentran sometidas a procesos continuos de selección, dada la estrecha relación que mantienen con el ambiente en el que se desarrollan. Los patrones de variación morfológica pueden verse afectados por factores bióticos y abióticos. Se midieron diez caracteres morfológicos en 1,200 hojas de *Quercus crassifolia* y 600 hojas en *Quercus laeta*. Para el análisis de datos morfológico, se utilizó estadística multivariada. Se utilizaron seis microsatélites en *Quercus laeta* y cuatro en *Q. crassifolia*. Los caracteres que permitieron la agrupación entre provincias geográficas y entre poblaciones fueron: el diámetro del pecíolo (DP), el diámetro de la vena media (DVM), número de venas (NV) y número de aristas (NA). La variación genética de *Quercus laeta* se encontró un total de 52 alelos. Se registró una mayor riqueza alélica en la Faja Volcánica Transmexicana con respecto a la Sierra Madre Oriental (SMO), mientras que la heterocigosidad observada es mayor en la SMO. En *Quercus crassifolia* se encontraron un total de 34 alelos, la riqueza alélica es mayor en la SMO ($Ra=4.10$), la heterocigosidad observada fue mayor en la FVTM $H_o=0.723$. Para ambas especies, en el análisis de (AMOVA) muestra que la mayor parte de la diferenciación genética se encuentra dentro de las poblaciones. Se observó un efecto de aislamiento por distancia, y no se observó un efecto de la altitud en los parámetros genéticos. Los diez caracteres morfológicos cambiaron significativamente en todas las poblaciones y el patrón de cambio es diferente para cada variable, posiblemente como respuesta a factores ambientales o geográficos. Existen diferencias morfológicas entre poblaciones de la SMO y la FVTM. El flujo genético se ve limitado por la distancia geográfica. El gradiente altitudinal y las variables ambientales, no influyen sobre la variación genética entre poblaciones.

ESTRUCTURA GENETICA Y EVOLUTIVA DE UNA ZONA HÍBRIDA DEL COMPLEJO *Sceloporus grammicus* (Squamata: Phrynosomatidae) EN HIDALGO.

¹Sánchez-Hernández MC., ¹Chávez CE., ²Ramírez-Bautista A.

¹Laboratorio de Genética Evolutiva y Ambiental. Centro de Investigaciones Biológicas,

²Laboratorio de Ecología de Poblaciones, Instituto de Ciencias Básicas e Ingeniería, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Carretera Pachuca-Tulancingo, Km. 4.5.

Mineral de la Reforma, Hidalgo, 42184, México.

Tel. (771) 7172000 Ext. 6649.

Correo electrónico: mcarmen@uaeh.edu.mx y ernestochcz@hotmail.com

Introducción: La importancia evolutiva de la hibridación es reunir genotipos diversos y producir diferencias genéticas (en tiempo menor que la mutación y el reemplazo de genes) y formación de complejos coadaptados, como es el caso de la lagartija *Sceloporus grammicus*, que forma un complejo de razas cromosómicas (citotipos).

Objetivos: Determinar la variación morfológica y la estructura genética de una zona híbrida del complejo *Sceloporus grammicus* y determinar la existencia de híbridos entre los citotipos involucrados. **Metodología:** Se analizó la estructura de una zona híbrida entre los citotipos S y FM2, en tres diferentes localidades del municipio de Emiliano Zapata, Hidalgo; se utilizaron tres estrategias para el estudio. Primero se realizó un

estudio citológico, examinando 70 cariotipos distintos de los individuos recolectados para determinar las razas presentes (S y FM2) y posibles híbridos, después se realizó un análisis morfométrico; con un total de 60 individuos adultos, se evaluaron 11 caracteres morfológicos discriminantes entre razas cromosómicas, utilizando estas medidas para definir un patrón corporal, verificando las diferencias y semejanzas que existen entre poblaciones e identificando morfotipos distintivos para cada uno de los sitios. Por último se analizaron un mínimo de 15 individuos (el Casco) a un máximo de 25 individuos (Santa Clara) por población utilizando seis microsatélites (Gram 101, Gram 102, Scel 571, Gram 104, Gram 106, Gram 107) como marcadores genéticos para determinar la estructura de la zona híbrida y los niveles de flujo genético entre individuos puros e híbridos.

Los **resultados** obtenidos denotan la existencia de diferencias citológicas y morfológicas definiendo un morfotipo en cada una de las tres poblaciones, también existe una tendencia significativa a arreglos cromosómicos paternos, respecto al flujo genético y la homología genética se observan valores elevados y el análisis alélico; **Conclusiones:** sugiere un proceso de hibridación e introgresión alélica entre las razas presentes (S y FM2) indicando procesos de especiación incipiente por lo cual los híbridos son muy raros, abundando predominantemente las retrocruzas.

DISTRIBUCIÓN Y MANEJO DE *Tilapia cf. zilli* EN BAJA CALIFORNIA, MÉXICO

Jullian-Montañez AG¹, Camarena-Rosales F², Ruiz-Campos G².

¹Instituto de Investigaciones Oceanológicas, UABC. ²Facultad de Ciencias, UABC
al304455@yahoo.com.mx

Introducción: Las especies introducidas constituyen uno de los grandes problemas para la conservación de fauna nativa. Por eso, es necesario explorar alternativas de diagnóstico y manejo de las especies exóticas. En los oasis de Baja California Sur, fue introducida *Tilapia cf. zilli*, en detrimento de la especie endémica y amenazada *Fundulus lima*. En el presente estudio se buscó entender cuántos stocks de *Tilapia cf. zilli* se introdujeron y qué rutas siguieron las transfaunaciones. También, se analizó la posibilidad de controlar las poblaciones de la especie exótica mediante su aprovechamiento por parte de los vecinos de los oasis.

Metodología: En cuatro cuencas hidrológicas de Baja California Sur se utilizó la técnica de RAPD's con cuatro cebadores para entender cuántos stocks parentales se introdujeron en los oasis y, posteriormente, en la localidad de La Purísima, se realizaron análisis de tallas de *Tilapia cf. zilli* y estudios sociales (sociodemográfico, entrevistas y encuestas) para comprender la viabilidad de aprovechamiento del exótico en la zona.

Resultados: A partir de 43 loci analizados se evidenció la presencia de, al menos, tres stocks del exótico así como las rutas seguidas en la introducción (de sur a norte). Además, las tallas de los especímenes de *Tilapia cf. zilli* no son adecuadas para el mercado y se presenta un rechazo generalizado a la presencia de la especie introducida por la población local.

Conclusión: El estudio realizado sugiere que, para enfrentar el problema de las especies introducidas, es muy conveniente el uso de modelos interdisciplinarios que aborden la problemática en su complejidad real.

INDUCCIÓN DE MUTANTES DE *Anastrepha ludens* (LOEW) POR EXPOSICIÓN AL ETÍL-METANOSULFONATO (EMS).

¹Ríos-Pérez HA, ²Zepeda CSC, ³Ramos-Morales P, ¹Toledo AJ, ¹Malo EA

¹Departamento de Entomología Tropical, El Colegio de La Frontera Sur; ²Laboratorio de Sexado genético, Mosca Frut; ³Laboratorio de Genética y Toxicología Ambiental/Banco de Moscas, Facultad de Ciencias, UNAM. zurdo_x22@hotmail.com

La mosca mexicana de la fruta *Anastrepha ludens* es una plaga de importancia económica, por lo que se requiere la implementación de estrategias para evitar su propagación. El estudio de la genética de esta mosca es fundamental para el desarrollo de herramientas basadas en su biología, por ejemplo, la construcción de cepas sexadas genéticamente mejora la eficiencia de la Técnica del Insecto Estéril (TIE), pero para desarrollarlas se requiere de una diversidad de marcadores (mutaciones fenotípicas y funcionales) disponibles y la obtención del mapa genético de la especie impulsaría la identificación de estas. En *Drosophila melanogaster* se utilizan técnicas basadas en la construcción de familias derivadas de organismos expuestos a mutágenos. La endogamia de las familias recobradas incrementa considerablemente la probabilidad de que se generen y aislen organismos mutantes. Además de la radiación, sustancias como el alquilante etil-metanosulfonato (EMS) son utilizadas para esto. El objetivo de este trabajo fue inducir mutantes de *A. ludens* mediante la producción de familias a partir de machos tratados con EMS. Metodología. Se prepararon diez diluciones consecutivas de EMS a partir de 9 mM y se administraron a los machos adultos por microinyección abdominal, posteriormente estos fueron cruzados con hembras vírgenes no tratadas para obtener la F1 y la F2. Las moscas recobradas se contaron, sexaron y revisaron morfológicamente, para aislar a los posibles mutantes inducidos. Se obtuvo el Índice de Sobrevivencia (IS) y la frecuencia de alteraciones en los organismos expuestos y se determinaron diferencias entre los lotes mediante un ANOVA ($p=0.05$). Se recobraron malformaciones en sedas y segmentos similares a las reportadas en *D. melanogaster* tratadas con EMS. Se aislaron tres nuevos marcadores: uno de color de cuerpo y dos de sedas. Los cruzamientos: mutante x mutante, mutante x silvestre y recíproca y las cruces de prueba sugieren que uno de los genes es letal dominante, mientras que los otros dos son recesivos. Es necesario realizar las pruebas para evaluar los parámetros de calidad de los adultos como longevidad fecundidad y otras características de los mutantes para evaluar su uso potencial en el control de la mosca de la fruta *A. ludens*.

Viernes 9 de octubre

CONFERENCIA MAGISTRAL

LA GENÉTICA DE LOS PLÁSMIDOS *repABC*

Miguel Ángel Cevallos

Centro de Ciencias Genómicas, UNAM. Cuernavaca, Morelos, México.

Hay tres actividades que son esenciales para la célula: la duplicación del material genético, la segregación de este material a las células hijas y la división celular. Así es que no es de extrañar que estas actividades estén bajo un complejo y estricto control, y que su estudio sea un tema muy activo de investigación, tanto en las células procariontas como en las eucariotas. El propósito de este seminario es describir, de manera general, la intrincada regulación a la que están sujetos los plásmidos *repABC*.

La replicación de los cromosomas y de los plásmidos bacterianos inicia en un lugar específico: el origen de replicación. Los orígenes de replicación permanecen inactivos durante la mayor parte del ciclo celular. Usualmente, las moléculas que se encargan de activarlos se llaman moléculas iniciadoras de la replicación, que en la gran mayoría de los casos se trata de proteínas y que, se han bautizado como *proteínas iniciadoras de la replicación* o simplemente *proteínas iniciadoras*. Estas proteínas tienen un papel esencial en la fisiología de la célula, ya que se encargan de reconocer el origen de replicación, desestabilizar la doble hélice y reclutar el replisoma, que es la maquinaria que participa directamente en la duplicación del DNA.

La cantidad y la actividad de las proteínas de inicio de la replicación están finamente reguladas ya que el material genético se debe duplicar sólo una vez por generación. Una limitación severa tendría como consecuencia que la célula sería incapaz de replicar su material genético, y un exceso generaría más moléculas de DNA que conllevarían a la destrucción de la célula ya que la somete a un círculo letal: cada ronda extra de replicación generaría nuevos templados que serían, a su vez, utilizados en rondas adicionales de replicación y que a la larga drenarían toda la energía disponible de la célula. Este fenómeno de sobre-replicación mortal se conoce como fenotipo de escape (o *runaway*).

Por estas razones, la cantidad y la disponibilidad de las proteínas de inicio están reguladas, a muchos niveles, y de una manera exquisita. A grandes rasgos esta regulación se puede lograr de dos maneras: limitando la disponibilidad de las proteínas de iniciación activas, o bloqueando u ocultando los orígenes de replicación. Existen muchos mecanismos que se pueden utilizar para controlar la disponibilidad de las proteínas de inicio activas. Tomaré como ejemplo a los plásmidos *repABC* para describir lo intrincados que pueden resultar estos mecanismos de control

Los plásmidos repABC

Los miembros de la familia *repABC* son plásmidos uni-copia, de alto peso molecular (100 Kb-1.2Mb), que son típicos de las alfa-proteobacterias. Frecuentemente se han reportado cepas que contienen más de un plásmido *repABC*, lo que indica claramente que los plásmidos de esta familia abarcan varios grupos de incompatibilidad (Cevallos, et al., 2002; Cevallos. 2008; Pappas, 2008). La replicación y la segregación de estos

plásmidos depende de la presencia del operón *repABC* ya que en él se encuentran codificados todos los elementos necesarios para estas dos actividades biológicas. El operón *repABC* típico contiene tres genes que codifican proteínas y un gene que codifica un pequeño RNA antisentido que se encuentra en la región intergénica *repB-repC*. Los dos primeros genes del operón, *repA* y *repB*, codifican para proteínas que tienen una doble función puesto que por un lado regulan negativamente su propia transcripción y por el otro constituyen, junto con la secuencia *parS*, la maquinaria de segregación del plásmido (Ramírez-Romero, *et al.*, 2001; Soberón *et al.*, 2004). El último gen del operón –*repC*– codifica una proteína esencial en la replicación del plásmido, ya que , los plásmidos que portan mutaciones que cambian el marco de lectura de *repC* o que acarrean inserciones en este gene son incapaces de replicar (Ramírez-Romero, *et al.*, 2000). Una peculiaridad de estos plásmidos es que su origen de replicación se encuentra embebido dentro de la secuencia codificante de RepC y que su tipo de replicación es θ monodireccional. Por último, el RNA antisentido (59 nt) que se encuentra codificado entre los genes *repB* y *repC* es un regulador negativo de la expresión de *repC* (Venkova-Canova, *et al.*, 2004).

La regulación a nivel de transcripción de la replicación y de la segregación de un plásmido repABC

El miembro de la familia *repABC* que estudiamos en nuestro laboratorio es el plásmido simbiótico de la cepa de *Rhizobium etli* CFN42. La secuencia de este plásmido ya se determinó y por ello sabemos que tiene un tamaño de 371 kb (González *et al.*, 2003). Por medio de ensayos genéticos y moleculares determinamos que el operón *repABC* de este plásmido se transcribe a partir de un solo promotor. Los ensayos de extensión de primeró indicaron que el inicio de la transcripción del operón se encuentra en una “G” 45 pb arriba de la corriente del codón de inicio de *repA*. Siete pares de bases arriba de ese punto, localizamos la secuencia [TTGCTC(N₁₆)TCTAAT] que tiene parecido al consenso de promotores sigma-70. Por medio de una mutagénesis sitio dirigida demostramos que los elementos hexaméricos -10 y -35 se identificaron correctamente (Ramírez-Romero, *et al.*, 2001). Además pudimos demostrar a través de experimentos de expresión heteróloga que el factor sigma involucrado en la transcripción de este operon es SigA, el factor sigma mayoritario de *Rhizobium* (Ramírez-Romero, *et al.*, 2006). Los experimentos con una fusión transcripcional *repA::gusA* nos permitieron identificar que: el operador del operón es una secuencia repetida invertida que se encuentra entre el promotor y el codón de inicio de *repA*, una posición canónica para operones que se regulan negativamente. Pudimos también determinar que es RepA quién se pega al operador y que lo hace de una manera ATP/ADP dependiente; sin embargo, la represión que ejerce RepA sobre la fusión es de alrededor del 15%. La presencia adicional de RepB incrementa la represión que ejerce RepA, ya que ahora se logra un efecto represor del 60%. Esta observación indica que RepB es un co-represor del sistema. La observación más relevante es que la presencia del sitio *parS* ya sea en el plásmido que contiene la fusión o en el vector que expresa las proteínas RepAB abate completamente la expresión de la fusión *repA::gusA*. El sitio *parS*, es una secuencia de 16-pb que hace las veces de centrómero, y se encuentra 40-pb abajo de la corriente del codón de término de *repC* (Soberón *et al.*, 2004) Hemos demostrado que esta secuencia es el sitio de pegado de RepB y esencial junto con RepA en la segregación del plásmido. También hemos dejado en claro en experimentos de dos

híbridos que tanto RepA como RepB forman al menos dímeros y que RepA y RepB contactan entre sí. Estos resultados invitan a pensar que el efecto dramático que tiene la presencia de la secuencia *parS* es que se están formando complejos nucleoprotéicos entre las proteínas RepA y RepB y el operador y el sitio *parS* que bloquean la transcripción. Esto nos hace proponer que el operón *repABC* tiene una regulación poco frecuente y aún menos estudiada llamada *esposado* (handcuffing).

El ctRNA y la regulación postranscripcional de RepC

Los RNA antisentido que participan en la regulación de la replicación de muchos plásmidos ejercen su acción modulando negativamente la expresión de las proteínas iniciadoras. Para que los RNA antisentido corrijan eficientemente el número de copias de los plásmidos después de la división celular, se requiere que se expresen constitutivamente, que su vida media sea baja, y que la cantidad por célula de moléculas del RNA antisentido permanezca sin cambios. De este modo, al crecer la célula y aumentar su volumen, la concentración de RNA antisentido disminuye concomitantemente hasta alcanzar una concentración crítica en la que se dispara la replicación (Brantl, 2007).

Al igual que en muchos otros plásmidos, un RNA antisentido juega un papel importante en la regulación de la replicación de los plásmidos *repABC*. El gene del RNA antisentido (ctRNA) de nuestro interés se localiza en la región intergénica que se encuentra entre los genes *repB* y *repC*, pero codificado en la cadena complementaria a la del operón. El ctRNA tiene 59 nucleótidos y se transcribe por medio de un promotor que depende de SigA, el factor sigma mayoritario de *Rhizobium*. Los experimentos realizados con fusiones traduccionales de *repC* con un gene reportero, nos permitieron establecer que en la presencia del ctRNA disminuye considerablemente la expresión de la fusión y nos permite concluir que el ctRNA es un elemento negativo de la expresión de *repC* y por lo tanto de la replicación del plásmido. Además demostramos contundentemente que la introducción de una construcción que porta el gene del ctRNA a una cepa de *Rhizobium* nativa, elimina el plásmido simbiótico, indicando, de este modo, que el ctRNA es un fuerte factor de incompatibilidad plasmídica (Venkova-Canova *et al.* 2004).

Para establecer con precisión cuál es el mecanismo molecular fino de acción del ctRNA determinamos experimentalmente la estructura secundaria del ctRNA, de su RNA blanco, y del complejo que se forma entre las dos moléculas. El ctRNA tiene una estructura tallo-asa bordeado por dos regiones en cadena sencilla. La que se encuentra en el extremo 5' tiene 13 nucleótidos y que llamaremos brazo derecho. La región en cadena sencilla del extremo 3' o brazo izquierdo, tiene una longitud de 10 nucleótidos. La estructura tallo-asa tiene 14 pares de nucleótidos apareados, una burbuja de 2 nucleótidos y un asa de 6 nucleótidos. La sección del RNA blanco a la que determinamos su estructura secundaria corresponde a la región intergénica de 155 pb que se encuentra entre los genes *repB* y *repC*. Esta región consiste en un enorme tallo-asa con muchas burbujas en su interior y dos regiones grandes apareadas. Lo que hay que destacar es que la región que contiene el Shine-Dalgarno de *repC* permanece libre (en cadena sencilla) lo que la hace proclive a ser traducida. En contraste, el complejo ctRNA/RNA blanco forma una perfecta doble cadena en aquella región en que ambos son complementarios (59 pb). Sin embargo, la región de 96 nucleótidos del RNA blanco que queda sin aparear forma dos estructuras tallo-asa separadas por una región de 18

nucleótidos de cadena simple. La estructura tallo-asa (elemento-S) es pequeña ya que cuenta con tan solo 6 pares nucleótidos apareados y un asa de 8 nucleótidos. La segunda asa tiene 17 pares nucleótidos apareados, una burbuja y una asa de 5 nucleótidos. Hay que resaltar que en esta condición la secuencia Shine-Dalgarno de *repC* se encuentra oculta dentro del tallo de este tallo-asa y por tanto, este gen no se puede traducir. Con estos datos podemos concluir que el RNA mensajero de la región arriba de la corriente toma dos conformaciones: una en ausencia del ctRNA en la cual *repC* puede traducirse y por tanto iniciar la replicación del plásmido, y otra conformación en presencia del ctRNA en la que *repC* no puede traducirse y por tanto, tampoco iniciar la replicación de plásmido. Estos datos nos permiten establecer que el ctRNA ejerce su efecto regulatorio a través de una típica atenuación transcripcional. También calculamos que el ctRNA tiene una vida media de 5 minutos (Cervantes-Rivera, en prensa). También contamos con experimentos in vivo que demuestran que nuestro modelo in vitro también se cumplió en la célula viva.

La regulación postraduccional de repC

Como mencioné más arriba, las deleciones y las mutaciones en *repC* inhabilitan la replicación de plásmido, lo que indica que RepC es una proteína esencial para este proceso. Sin embargo, el experimento más ilustrativo fue el siguiente: clonamos el gene *repC*, en un vector suicida en *Rhizobium*, bajo un promotor constitutivo y una secuencia Shine-Dalgarno de *E. coli*. Introdujimos la construcción resultante (pDOP-C) en dos cepas de *Rhizobium*: una que carece del plásmido simbiótico y otra que si lo tiene. En la cepa sin plásmido simbiótico obtuvimos transconjugantes a muy alta frecuencia, mientras que no obtuvimos transconjugantes en la cepa con plásmido simbiótico. Un análisis del perfil de plásmidos de las transconjugantes obtenidas en la cepa sin plásmido simbiótico demostró que la construcción introducida replica con alto número de copias, de manera independiente. Los resultados nos permiten llegar a cuatro conclusiones: *primero*, RepC es el elemento mínimo necesario para que la replicación se lleve a cabo. *Segundo*, que el origen de replicación del plásmido se encuentra dentro de *repC*. *Tercero*, que la replicación del plásmido debe estar sujeta a algún tipo de regulación postraduccional puesto que la construcción carece de un fenotipo *runaway*. *Cuarto*, *repC* o su producto generan incompatibilidad con el plásmido simbiótico.

Referencias

- Brantl, S. (2007) Curr Opin Microbiol. 10, 102-109
- Cervantes-Rivera R., Romero-López C., Berzal-Herranz, A., Cevallos, MA. Nucleic Acids Research. *in press*
- Cevallos, MA, Cervantes-Rivera, R. and Gutiérrez-Rios, R. M. (2008) Plasmid 60, 19-37.
- Cevallos, MA, Porta, H., Izquierdo, J., Tun-Garrido, C., Garcia-de-los-Santos, A., Davila, G., Brom, S. (2002) Plasmid 48,104-116.
- González, V., Bustos, P., Ramírez-Romero, M. A., Medrano, A., Salgado, H., Hernández- González, I., Hernández-Celis, C., Quintero, V., Moreno-Hagelsieb, G., Girard, L., Rodríguez, O., Flores, M., Cevallos, MA. Collado-Vides, J. Romero, D. and Dávila, G. (2003). Genome Biology 4:R36
- Mott ML, Berger JM. (2007). Nat Rev Microbiol. 5, 343-354. Review.
- Ohkubo, S., and Yamaguchi, K. (1995). *J Bacteriol* **177**: 558-565.

Pappas K. M. (2008) *Plasmid*. 60, 89-107.
Ramírez-Romero MA, Bustos P, Girard L, Rodríguez O, Cevallos MA, Dávila G.(1997) *Microbiology*. 143, 2825-2831
Ramírez-Romero MA., Soberón, N., Pérez-Oseguera, A., Tellez-Sosa, J. and Cevallos, MA. (2000) *J. Bacteriol.* 182, 3117-3124.
Ramírez-Romero, MA., Tellez-Sosa, J., Barrios, H., Pérez-Oseguera, A., Rosas, V. and Cevallos, MA. 2001. *Mol. Microbiol.* 42, 195-204.
Ramírez-Romero MA, Masulis I, Cevallos MA, González V, Dávila G. (2006) *Nucleic Acids Res.* 34,1470-1480.
Soberón, NE., Venkova-Canova, T. Ramírez-Romero, MA., and Cevallos MA (2004) *Plasmid* 51: 203-216.
Venkova-Canova, T., Soberón, NE, Ramírez-Romero, MA. and Cevallos, MA. (2004) *Mol. Microbiol.* 54, 1431-1444.

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES IV

EXPRESIÓN DE AML1 EN CÉLULAS DE PACIENTES PEDIÁTRICOS CON DIAGNÓSTICO DE LEUCEMIA AGUDA LINFOBLÁSTICA (LAL).

Montero-Ruíz O^{1,4}, Alcántara M A², Betancourt M³, Juárez R⁴, González-Márquez H³, Pérez-Vera P⁴. Posgrado en Biología Experimental¹ y Laboratorio de Biología Celular³, Universidad Autónoma Metropolitana-Unidad Iztapalapa. Laboratorios de Biología Molecular² y Cultivo de Tejidos⁴, Instituto Nacional de Pediatría SS. E-mail: orethmr@gmail.com

Antecedentes: La LAL es el padecimiento maligno más frecuente en niños. *AML1* es un gen que se altera con alta frecuencia en esta enfermedad y codifica un factor de transcripción regulador de genes de la hematopoyesis. Esta función se realiza a través de tres isoformas: AML1a (250 aa.), AML1b (453 aa.) y AML1c (480 aa.). AML1a carece del dominio de activación de la transcripción y se le atribuyen funciones de supresor de la expresión de los genes subordinados, por competencia con las otras isoformas por el sitio de unión a DNA. Los estudios realizados en pacientes con LAL revelan resultados controvertidos, algunos muestran alta expresión de las isoformas AML1b y c, en contraste, otros detectan que la isoforma AML1a es la preponderante. **Objetivo:** Determinar la expresión diferencial de los RNAm y proteínas de las isoformas de AML1 en células de médula ósea de niños con LAL. **Metodología:** Se analizó la expresión del RNAm de las isoformas AML1a, b y c por RT-PCR en 30 niños con LAL, como control de la reacción se utilizó el receptor del ácido retinoico- α . Como grupo comparativo se analizaron linfocitos CD19+ de sangre periférica de 10 personas adultas sanas. Las isoformas proteicas se detectaron en 12 pacientes por el método de Western-blot, como control se utilizó β -actina. **Resultados:** En los 30 pacientes estudiados por RT-PCR se observaron las 3 isoformas esperadas, adicionalmente se detectaron 2 variantes de AML1a y 3 de AML1c. Tanto el análisis de RT-PCR como el de Western-blot mostraron combinaciones en la expresión de las diversas isoformas, de éstas, AML1c y sus variantes se observaron en todos los pacientes y AML1b fue la

que se detectó con menor frecuencia. **Conclusiones:** a) Los blastos de los pacientes con LAL no presentan una isoforma en particular, si no una combinación de éstas. Los resultados obtenidos por RT-PCR se confirmaron por Western-blot. b) En contraste con lo descrito anteriormente, la isoforma C y sus variantes son más frecuentes y abundantes en los pacientes. Este hallazgo no apoya el efecto antagónico propuesto para AML1a, sin embargo, aún se requiere conocer la influencia de las diversas combinaciones de las isoformas sobre la expresión de sus genes subordinados. Agradecimientos a CONACYT: Beca otorgada a M-RO (130301) y proyecto 52536, otorgado a P-VP.

ANÁLISIS GENÉTICO DE LOS POLIMORFISMOS PRESENTES EN EL COMPLEJO GAMMA SECRETASA Y SU ASOCIACIÓN CON LA ENFERMEDAD DE ALZHEIMER EN PACIENTES MEXICANOS

Victoria Campos-Peña¹, Beatriz Mena-Montes², Rocio Gómez³, Francisco Mena-Barranco⁴, **Marco Antonio Meraz Rios**², ¹Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, Mexico City, Mexico; ²Centro de Investigación y de Estudios Avanzados, Mexico City, Mexico; ³Instituto Nacional de Rehabilitación, Mexico City, Mexico; ⁴Hospital Español de México, Mexico City, Mexico. Contact e-mail: mmeraz@cinvestav.mx

La enfermedad de Alzheimer (EA) es la causa más frecuente de demencia, clínicamente se caracteriza por la pérdida progresiva de la memoria y demás funciones cognitivas. Histopatológicamente, se define por la presencia de placas neuríticas (PN) y marañas neurofibrilares (MNF). El principal constituyente de las PN, es un fragmento de 40-42 aminoácidos conocido como péptido amiloide- β ($A\beta$), el cual es generado por el procesamiento proteolítico de la proteína precursora del amiloide β (PPA- β). Este proceso requiere de la acción de β - y γ -secretasas. Reportes en la literatura, señalan que el procesamiento de PPA- β , puede verse modificado durante el desarrollo de la patología y esta alteración, se cree que pudiera participar de manera importante en la acumulación de $A\beta$ en los cerebros de pacientes con EA. La acumulación de amiloide, podría ser el evento primario que desencadena la formación de MNF, lo que conduciría a la muerte neuronal. Muchos de los estudios de asociación genética señalan que las variaciones en los genes involucrados en el procesamiento de PPA, específicamente en los del complejo gamma secretasa podrían ser un factor de riesgo genético para la enfermedad de Alzheimer.

Objetivo: El propósito de este trabajo, es analizar la presencia de polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) en genes relacionados con el metabolismo de PPA- β (complejos beta y gamma secretasa); así como su asociación con la variante genética ApoE4 y secretasa

Metodos: La genotipificación fué realizada mediante PCR en tiempo real, en muestras de DNA obtenidas de controles sanos y pacientes clínicamente diagnosticados como EA. El diagnostico incluye historia médica, estudios neuropsicológicos y psiquiátricos, pruebas generales de laboratorio y de imagen.

Resultados: Los resultados obtenidos, sugieren que la presencia de ciertos haplotipos confieren susceptibilidad de riesgo para desarrollar la patología. Finalmente este es el

primer estudio genético relacionado con todas las subunidades del complejo realizado en población Mexicana.

ANÁLISIS POR CITOMETRÍA DE FLUJO DE LA PROLIFERACIÓN CELULAR EN MÉDULA ÓSEA DE RATAS DE 21 DÍAS DE EDAD

Cortés E., González-Márquez H. y Ortiz R.

Lab. de Biología Celular y Citometría de Flujo. Depto. de Ciencias de la Salud, DCBS, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa. San Rafael Atlixco 186, Col. Vicentina, C.P. 09340. cobe@xanum.uam.mx

La desnutrición tiene un impacto negativo fuerte sobre las funciones inmunológicas de los niños, haciéndolos más vulnerables a enfermedades y se considera que es la causa principal de inmunodeficiencia en el mundo. Los animales de laboratorio han sido útiles en el estudio de los efectos de la desnutrición a diferentes niveles puesto que, además de los factores éticos, se pueden controlar los factores no nutricionales presentes en los humanos. La bromodesoxiuridina (BrdU), análogo de la timina, se ha utilizado para que, al incorporarse al ADN de células proliferantes, sea posible estudiar el ciclo celular. El uso de anticuerpos monoclonales acoplados con fluorocromos ha permitido identificar la incorporación de la BrdU al ADN y, en combinación con los intercalantes de ADN fluorescentes permiten que se pueda usar la citometría de flujo como herramienta en el estudio de la proliferación y el ciclo celular.

El objetivo del presente trabajo fue analizar la proliferación celular en médula ósea de ratas desnutridas (DN) durante la lactancia y en ratas bien nutridas (BN). A los 21 días de edad se inyectó, por vía intraperitoneal BrdU en una dosis de 1 mg/g de peso corporal. Después de 2, 4, 6 y 8 horas de incorporación, se obtuvo la médula ósea del fémur. Se detectó la incorporación de BrdU con anticuerpos monoclonales y la fase del ciclo con yoduro de propidio. Las células fueron analizadas por citometría de flujo, en gráficas de contorno de contenido de ADN contra incorporación de BrdU, en donde se identificó a las células que incorporaron al análogo. Se obtuvieron la duración de la fase S (TS) y el tiempo de G2 (TG2).

Los resultados mostraron que la células de médula ósea de rata BN tienen un TS de 3.7 ± 0.4 horas, mientras que TG2 fue de 3.5 ± 0.7 . En la médula ósea de ratas DN de segundo grado, se obtuvo un TS de 16.9 ± 4.3 y TG2 de 4.1 ± 0.8 . Los resultados muestran que la desnutrición de segundo grado afecta de manera importante la fase S. Agradecimientos a la MVZ Rocío González por las facilidades del Bioterio.

EVALUACIÓN DE LOS EFECTOS TOXICOLÓGICOS INDUCIDOS POR UN COMPUESTO DE Cu (Casiopeína IIgly) DURANTE LAS FASES G1-S Y G2-M MEDIANTE EL ENSAYO DE MICRONÚCLEOS *IN VITRO*

Cordero PNE, Uribe LP y Roldán RE

Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis de la UNIGEN (Lab. 2, UMIEZ pa.), Fes-Zaragoza, UNAM. México D.F. elias@servidor.unam.mx

En todo organismo debe existir un equilibrio entre la generación o proliferación y la

desaparición o muerte de sus células. La pérdida de este equilibrio es la causa de enfermedades como el cáncer. Es por eso que la búsqueda de nuevas alternativas terapéuticas ocupa un lugar importante en la investigación contra esta enfermedad. En la Facultad de Química (UNAM), se han diseñado más de cien compuestos de coordinación con centro metálico de (Cu II) llamados Casiopeínas®, que han mostrado tener actividad citostática, citotóxica, genotóxica y antineoplásica tanto *in vitro* como *in vivo* en diferentes modelos. En el presente trabajo se evaluó el efecto genotóxico, citotóxico y citostático mediante el ensayo de micronúcleos con bloqueo de la citocinesis (**MNBC**) de la Casiopeína Igly [**Aqua (4,7-dimetil-1,10-fenantrolina) (glicina) cobre (II) Nitrato**]. Se extraen 10 ml de sangre, se separan los linfocitos por gradiente de densidad, se cultivan en 5ml de medio RPMI-1640 con Fitoheماغلوتinina, a las 20 y 44 hrs. Se aplicó la **Mitomycin C** (T+) (0.2 µg/ml) y la **Casiopeína Igly** (0.33, 0.66, 1.00) respectivamente. A las 48 hrs, se adiciona la **Citocalasina B** (6 µg/ml). Y a las 72 hrs. se cosechan las células, se fijan con metanol absoluto y metanol-ácido acético (proporciones 3:1 y 85:15 respectivamente), se elaboran las laminillas y se tiñen. Los resultados muestran un notable incremento significativo ($p < 0.002$) en la necrosis y la apoptosis con un comportamiento dosis respuesta solo en la última. Se observó un incremento significativo ($p < 0.0005$) en los puentes nucleoplásmicos (PN) en la concentración de 1 µg/ml. Los MN se incrementaron significativamente ($p < 0.05$) solo en la concentración de 0.66 µg/ml en el caso de los tratamientos a las 20 hrs. Para los tratamientos a las 44hrs. la apoptosis aumenta significativamente ($p < 0.002$) en todas las concentraciones y para la necrosis solo en la concentración de 0.33 µg/ml. Los PN se incrementan significativamente ($p < 0.001$) en la concentración de 1 µg/ml y, en los MN se incrementan significativamente ($p < 0.05$) en todas las concentraciones. Por lo que proponemos que la Casiopeína Igly induce efectos genotóxicos más evidentes cuando los tratamientos son aplicados en la fase G2-M.

PAPIIT IN-221808

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES V

EFFECTO TÓXICO, GENOTÓXICO Y REPROTÓXICO DEL GLIFOSATO (AQUAMASTER ©) EN *D. melanogaster*

Ramos-Morales P, Muñoz-Hernández A, Rivas-Martínez H, Hernández- Bernal BR, Muñoz-Moya JA, Lab. de Genética y Toxicología Ambiental, Fac. Ciencias, UNAM, Cd. Universitaria, Coyoacan 04510, México DF, Mx. Tel 56-22-51-94, prm@ciencias.unam.mx

Introducción. El Glifosato© es el ingrediente activo más utilizado en la fabricación de herbicidas. La producción de transgénicos resistentes al glifosato y su aparente inocuidad ha potenciado su uso en el campo. Se ha incrementado la incidencia de cáncer por exposición laboral y se ha demostrado su efecto nocivo en el desarrollo. En México, Aquamaster © (53.5 g/L ia, Monsanto) se utiliza para el control del lirio acuático y en la conservación de jardines y parques. El glifosato absorbido por las hojas, inhibe a la enzima EPSPS, interfiere la producción de aminoácidos aromáticos y produce la muerte de las plantas. El conocimiento de la biología y organización genética de la mosca del vinagre, ha impulsado el desarrollo de biomarcadores para la evaluación de

eventos genéticos terminales que afectan diferente tipo de células: indiferenciadas, somáticas y sexuales. **Objetivo.** En este trabajo se obtuvo la curva concentración-efecto para los eventos terminales: toxicidad, genotoxicidad y reprotoxicidad en *Drosophila*. **Metodología.** Larvas de tipo silvestre (sil) y marcadas para evaluar mutación somática y recombinación mitótica (stm) se expusieron al compuesto por alimentación. Las moscas recobradas se registraron y clasificaron por sexo. Para evaluar la toxicidad y reprotoxicidad, machos (silv) se cruzaron con hembras no tratadas. La genotoxicidad se evaluó mediante la inducción de manchas en las alas de las moscas. Cada célula del ala origina un pelo cuya forma puede modificarse por la pérdida de heterocigosis. Se comparó la frecuencia de manchas totales, el tamaño de mancha y el número de manchas por mosca de las series experimentales con las del lote testigo. **Resultados y discusión.** El glifosato fue tóxico a partir de 1338 mg/L y la fertilidad fue menor en la concentración mayor ($p < 0.05$), aunque incrementa el número de hijos a partir de 669 mg/L. A partir de 2675 mg/L, el glifosato indujo mutación somática y recombinación mitótica ($p < 0.05$). **Conclusiones.** La genotoxicidad inducida por el glifosato parece estar asociada con actividad de tipo clastogénica. El incremento en la progenie recobrada por macho sugiere interferencia del glifosato con la regulación de tipo hormonal.

Agradecimientos. Al Banco de Moscas, Fac. Ciencias, UNAM, por el material biológico.

EFFECTOS CITOGENÉTICOS DE PLAGUICIDAS CARBÁMICOS EN LINFOCITOS HUMANOS Y CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE LA RAÍZ DE *Vicia faba*

^{1,2}Valencia-Quintana R., ^{1,2}Sánchez-Alarcón J., ³Gómez Olivares J.L. y ⁴Waliszewski S.M.

¹Laboratorio de Citogenética Ambiental, Centro de Investigación en Genética y Ambiente, ²Posgrado en Ciencias Ambientales, Secretaría de Investigación Científica, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Av. Universidad No. 1, Tlaxcala 90,070, Tlax., México. ³División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa de Citogenética Ambiental Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM, ⁴Instituto de Medicina Forense, Universidad Veracruzana prvq2004@yahoo.com.mx

En un intento por elevar la producción de alimentos, en años recientes se ha presentado un rápido incremento en la cantidad y en la variedad de plaguicidas. Los plaguicidas carbámicos son agentes químicos indispensables en la agricultura por la importancia que representan para obtener mejores cultivos, en sustitución de los agentes organoclorados u organofosforados, que se han demostrado altamente persistentes y tóxicos. Sin embargo, no obstante su menor persistencia y su mayor especificidad, éstos también representan un peligro potencial no solo para los seres humanos, sino también para otras especies y para el ambiente. El presente trabajo tiene como propósito comparar los efectos citogenéticos de diferentes plaguicidas carbámicos, en un sistema vegetal y en un sistema humano. Para ello se emplearon células meristemáticas de las raíces de *Vicia faba* y linfocitos humanos en cultivo, determinando diferentes marcadores de daño como son: la frecuencia de aberraciones

cromosómicas (AC), la frecuencia inducida de intercambios de cromátidas hermanas (ICH), así como los efectos sobre el índice mitótico (IM) o sobre la cinética de proliferación celular (CPC), respectivamente. Los resultados mostraron que todos los insecticidas evaluados (Lannate-90, Vydate L-24, Pirimor-50 y Semevin-350), fueron capaces de inducir AC e ICH. Se observa diferente grado de efectividad o de potencial genotóxico; Pirimor-50 fue capaz de inducir ICH desde una concentración de 5 ppm; Lannate-90 y Vydate L-24 lo hicieron desde 500 ppm en *Vicia faba*, y Semevin-350 desde 400 ppm en linfocitos humanos. Por otra parte, también se presentaron efectos diferenciales sobre el IM y sobre la CPC. Su potencial varía de acuerdo al sistema empleado y a la concentración evaluada, manifestándose como retrasos en la CPC y una disminución del IM. En casos extremos fueron capaces de provocar la muerte celular. Con base en estos resultados es posible establecer que estos insecticidas presentaron diferentes tipos de acción y son metabolizados de manera distinta. Mayores estudios son necesarios para contribuir a la categorización de este grupo de insecticidas de acuerdo a su potencial de daño citogenético, de tal manera que se podrá recomendar el uso de agroquímicos que representen un menor riesgo para la población en general.

DIFERENCIACIÓN EN LA RESPUESTA AL ESTRÉS TÉRMICO EN LA POBLACIÓN DEL INTERMAREAL VS. SUBMAREAL DEL ERIZO MORADO (*Strongylocentrotus purpuratus*)

González-Lozano CP, Carpizo-Ituarte EJ, Olivares-Bañuelos TN

Instituto de Investigaciones Oceanológicas- Universidad Autónoma de Baja California
noesissophie@yahoo.fr

Introducción. El cambio climático afecta la fisiología de los organismos; sin embargo, pueden presentarse diferencias de adaptación, incluso en diferentes poblaciones de la misma especie. El erizo morado (*Strongylocentrotus purpuratus*) constituye modelo adecuado para estudios de estrés térmico, por habitar en dos estratos (intermareal y submareal) de condiciones contrastantes. Por esta causa, las poblaciones de regiones con mayor variabilidad térmica, han desarrollado mecanismos moleculares de adaptación que les permiten resistir en estos hábitats como adultos. En este trabajo, comparamos la respuesta al estrés térmico de *S. purpuratus* proveniente de ambas regiones, así como de sus larvas, para verificar si existen diferencias en resistencia al estrés térmico.

Metodología. Se colectaron individuos adultos de *S. purpuratus* de ambas regiones. Se tomaron individuos adultos para realizar desoves y en otros se practicaron experimentos de termotolerancia y extracción de ácidos nucleicos. En las larvas obtenidas de los desoves, se realizaron las mismas pruebas. La respuesta al estrés se evaluó mediante la exposición a un rango de temperaturas (entre 4 y 30 °C) de adultos y larvas (por separado) y se cuantificó la supervivencia distintos tiempos. Posteriormente, se realizó un cociente de RNA/DNA, para evaluar respuesta al estrés térmico.

Resultados. Los ensayos de termotolerancia en larvas, mostraron un aumento en la mortalidad, a los 26° C, en un tiempo de exposición de ≥24h; sin embargo, a los 29° C no resistieron más allá de las 3h de exposición.

En los experimentos de termotolerancia en adultos se encontró que aunque los individuos de ambos estratos no presentan cambios a los 13°, la temperatura de 20° resultó letal para los organismos del submareal en 8 horas de exposición.

En adultos, el cociente RNA/DNA no indicó diferencias significativas de respuesta al estrés térmico en los diferentes tratamientos, salvo para el caso de 20°C.

Conclusiones. Existen diferencias en termotolerancia entre los individuos de ambos estratos, siendo los del intermareal más resistentes. Asimismo, las larvas son más resistentes que los adultos.

SESIÓN DE CARTELES II

PROMOCIÓN DE ACTIVIDAD MUTAGÉNICA EN PLANTAS DE TRATAMIENTO DE AGUA RESIDUAL

Nava-Vargas LA, Corona L, Torres M.

Sistema de Aguas de la Ciudad de México, Gobierno del D.F.

luisagua61@gmail.com

Introducción. Tradicionalmente los sistemas de tratamiento de agua residual incluyen procesos de sedimentación, digestión aeróbica, filtración y desinfección con cloro. El proceso final parece promover la formación de subproductos que se han relacionado con actividad mutagénica.

Objetivos.

- Determinar la presencia de actividad mutagénica en muestra de agua residual, agua residual tratada y agua de reuso.
- Relacionar la presencia de actividad mutagénica con los procesos de cloración.

Metodología. Se ensayaron 67 muestras provenientes de influentes de plantas de tratamiento (10), efluentes de plantas de tratamiento (33), canales de agua residual (12) y agua de reuso (12). Tabla 1. Se colectaron muestras de 8 litros y se concentraron mediante un proceso de adsorción/elución con resinas poliméricas y solventes orgánicos. Los extractos obtenidos fueron ensayados con la prueba de Ames.

Tabla 1. Número de muestreos por tipo de agua.

	Efluentes	Agua sin tratar (Influentes y canales)	Reuso (Lagos)
Total de muestreos	33	22	12

Resultados Los resultados mostraron que las aguas sin tratamiento no poseen actividad mutagénica, así como las aguas de reuso y que solo los efluentes después de cloración fueron mutagénicos en el 21% de los casos. Las aguas sin tratar y los efluentes después de cloración presentaron inhibición del crecimiento en el 27 y 12 % de los casos respectivamente. Las aguas de reuso no fueron tóxicas ni mutagénicas. Tabla 2.

Tabla 2. Efecto producido por tipo de agua en %

TÓXICOS	12%	27%	0%
NEGATIVOS	66%	72%	100%
POSITIVOS	21%	0%	0%

Conclusiones Los resultados reafirman la idea de que los procesos de cloración promueven la formación de subproductos de desinfección relacionados con actividad mutagénica.

EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE AGUAS TRATADAS EN PLANTAS MUNICIPALES EN CIUDAD JUÁREZ, CHIHUAHUA MEDIANTE ANÁLISIS DE MICRONÚCLEOS EN *Vicia faba*.

Mauricio RM y Bojórquez RG

Laboratorio de Biología Celular y Genética. Instituto de Ciencias Biomédicas. Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Anillo Envolvente del Pronaf s/n, Ciudad Juárez, Chihuahua, México. Tel: (656) 688-1886, Fax: (656) 688-1886
e-mail: gbojorqu@uacj.mx

Las aguas residuales son el resultado de la mezcla de todo desecho líquido proveniente de cualquier actividad humana. En el municipio de Ciudad Juárez, la industria maquiladora representa la principal actividad económica y aporta cantidades importantes de agua residual al drenaje de la ciudad. Esta agua es enviada a plantas tratadoras y vertida en canales que la conducen al Valle de Juárez donde es utilizada en riego agrícola. El Tratamiento Primario Avanzado dado al agua residual incluye la eliminación de sólidos y partículas suspendidas además de una desinfección con cloro, sin embargo estos métodos no garantizan la eliminación de otras mezclas complejas. El objetivo de esta investigación fue evaluar el potencial genotóxico del agua tratada utilizando el ensayo de micronúcleos y aberraciones anafásicas e índice mitótico en *Vicia faba*. Semillas de *V. faba* fueron germinadas en vermiculita estéril dentro de una cámara ambiental y regadas con agua proveniente de dos plantas tratadoras, a diluciones de 75, 50, 25 y 10%. Los controles positivo y negativo se realizaron con Metil-metano-sulfonato (10mg/L) y agua destilada respectivamente. Después de 4-5 días el meristemo apical de la raíz primaria fue retirado, teñido con acetorceína y preparado mediante las técnicas convencionales. Se obtuvieron 20 semillas por tratamiento y fueron contabilizadas 1,000 células por preparación en busca de evidencia de daño genotóxico. Los valores obtenidos para la Tasa Media de División fueron de 0.059, 0.043 y 0.054 en las muestras regadas con agua tratada y el control negativo respectivamente, y de 0.008 para el control positivo. La frecuencia de micronúcleos fue de 1.50 ± 0.462 y 1.89 ± 0.432 para las semillas regadas con agua tratada, 3.35 ± 0.927 para el control negativo y 5.42 ± 0.909 para el control positivo. La frecuencia de aberraciones anafásicas no mostró datos significativos. Los resultados muestran que ninguno de los parámetros analizados presenta diferencia significativa entre las semillas tratadas con agua residual y el control negativo. No existe evidencia suficiente para aceptar que las aguas residuales tratadas en dos plantas municipales presenten un efecto genotóxico sobre las raíces de *V. faba*. Sin embargo, el potencial

genotóxico no debe ser subestimado y otros modelos experimentales deben ser probados.

EVALUACIÓN DEL EFECTO DEL pH SOBRE LA TERATOGENICIDAD DEL CLORURO DE MERCURIO (HgCl₂) EN EMBRIONES DE PEZ CEBRA A TRAVÉS DE LA PRUEBA *Danio rerio* Teratology Assay (DarTa)”

Arcega, A. M., Pulido, F. G., Monks, S. W., Gordillo, M, A. y J.C, Gaytán., Laboratorio de Genética. Centro de Investigaciones Biológicas. UAEH. anthuar_leo5@hotmail.com

El efecto biológico de contaminantes ambientales puede aumentar o disminuir al interactuar con otras variables como son otros agentes químicos, temperatura, pH y luz. Por lo que en el presente trabajo se analizó como influye el pH en la teratogenicidad del HgCl₂ y del MnCl₂, en embriones pez cebra a través de la prueba DarTa.

La primera etapa consistió en evaluar como influye el pH sobre los índices de fertilidad-viabilidad; en la segunda fase se evaluó el como influye el pH en la teratogenicidad de los compuestos, debido a que puede influir en la solubilidad y por ende en su dispersión, vida media y biodisponibilidad.

En la evaluación de la influencia del pH se observó que la fertilidad aumentó considerablemente al igual que la viabilidad, sin observarse ningún tipo de malformación; se concluye que el pH no tiene un efecto teratogénico por si sólo en la embriogénesis del pez. En la siguiente fase se trabajó con el rango de pH ideal que es de 7.5-8.5, y se evaluó el potencial teratogénico de los compuestos, no encontrando efectos positivos, lo cual permite tener una metodología flexible al evaluar daño teratogénico inducido por estos xenotóxicos presente en el agua.

EVALUACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD DE SUELOS AGRICOLAS DE TEPETITLA TLAX.

^{1,2}Juárez S. L., ³Gaytán O. JC, ²García NE, ⁴Vázquez RGA y ⁴Coronel OC

¹Estudiante de Doctorado en Ciencias Ambientales, UAEH, ²Centro de Investigación en Genética y Ambiente, UATx, ³Centro de Investigaciones Biológicas, UAEH, ⁴Centro de Investigaciones Químicas, UAEH.

liber_05@yahoo.com.mx

Tepetitla de Lardizábal es uno de los municipios de relevancia agrícola en el Estado de Tlaxcala, cuenta con una superficie sembrada de 1822 hectáreas, predominan los cultivos de maíz, avena, acelga, cilantro, haba verde, ebo, frijol, cebolla, espinaca y calabaza, para los cuales se utilizan habitualmente una gran variedad de fertilizantes y plaguicidas como medida para combatir plagas y obtener un buen rendimiento de los cultivos. Plaguicidas como los organoclorados que han sido ampliamente utilizados desde la antigüedad presentan alta toxicidad por sus

características de bioacumulación, biomagnificación, persistencia y semivolatilidad, lo cual implica elevada permanencia en el ambiente, así como su acumulación tanto en suelo como en los organismos expuestos, ocasionando diversos efectos tóxicos entre los que destacan el daño al material hereditario. Con el propósito de evaluar la genotoxicidad de diversos compuestos, se han utilizado sistemas de prueba como *Vicia faba* y marcadores de daño como los micronúcleos, que han demostrado su versatilidad en la evaluación del efecto genotóxico provocado por contaminantes ambientales.

El objetivo del presente trabajo es evaluar la genotoxicidad de suelos agrícolas del municipio de Tepetitla, Tlax, mediante el análisis de micronúcleos en células meristemáticas de la raíz de *Vicia faba*.

Par ello se obtuvieron raíces principales de *Vicia faba* de entre 3 y 4 cm fueron expuestas durante 6 y 24 horas a suelos agrícolas. Después del tiempo de tratamiento, las raíces se fijaron en etanol-ácido acético (3:1), posteriormente, fueron teñidas mediante la "Tinción de Feulgen" y fijadas permanentemente en portaobjetos mediante la técnica del hielo seco, el análisis de micronúcleos se realizó en 1000 células en interfase para cada tratamiento y su repetición.

Los resultados mostraron que todos los sitios incrementaron la frecuencia de micronúcleos con los dos tiempos de tratamiento cuando se compararon con el testigo negativo, de igual manera las muestras fueron capaces de alterar el índice mitótico.

Los resultados encontrados indican la presencia de compuestos genotóxicos en los suelos agrícolas, lo cual resulta un riesgo directo o indirecto para todos los seres vivos, por lo que sería interesante tratar de asociar la genotoxicidad de estos suelos con la presencia específica de algunos plaguicidas mediante una posterior cuantificación.

CITO Y GENOTOXICIDAD DE ESPONJAS DE COLAGENA

Schiavon N.S.¹, Alvarado V.E.¹, Sodi y Arce D. F.¹, Dávalos de la Cruz, K.V.¹, Aguilar S. M. A.¹, Piña-Barba M.C.²

¹Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa

²Universidad Nacional Autónoma de México

Correo electrónico del responsable: eerie_dimension@hotmail.com

En el Instituto de Investigaciones en Materiales de la UNAM se desarrollaron esponjas de colágena obtenidas a partir de un proceso de desmineralización de un material creado ahí mismo llamado Nukbone®. Por su estructura porosa tienen propiedades osteoconductoras y se considera que podrían servir como material de implante óseo; ya que derivan del Nukbone® es probable que las esponjas de colágena no presenten cito ni genotoxicidad.

Con el fin de determinar la biocompatibilidad de las esponjas de colágena, se sometieron a pruebas utilizando como biomarcadores el índice mitótico y la frecuencia de aberraciones cromosómicas numéricas y estructurales en cultivo de linfocitos humanos como modelo experimental. Los cultivos se realizaron con sangre periférica de 10 donadores adultos (5 hombres y 5 mujeres) con una edad promedio de 22 años.

Por cada donador se formaron dos lotes, un testigo y otro experimental, el cual se expuso a las esponjas de colágena en forma de palillos, las cuales tuvieron una medida promedio de 2.36 cm de largo x 0.26 cm de ancho durante 48h. Para determinar el índice mitótico se cultivaron las células habiendo añadido previamente a la cosecha colcemida a cada uno de los cultivos, las preparaciones se tiñeron con Giemsa y se cuantificaron las mitosis encontradas en 6000 células por lote/donador. Las alteraciones numéricas se determinaron con base en la variación del número diploide de la especie en un total de 120 mitosis/lote/donador y las estructurales en 60 mitosis/lote/donador por medio de la frecuencia de hendiduras (“gaps”) y rompimientos (“breaks”). El análisis de resultados indica que las esponjas de colágena no presentan efecto citotóxico porque no alteran la proporción de células en división; en los datos recabados hasta el momento no se han detectado aneuploidías ni poliploidías y tampoco tiene efecto clastogénico. Como se había esperado al igual que el Nukbone®, las esponjas parecen no presentar efecto citotóxico ni genotóxico.

EFFECTO CITOTÓXICO DE LA ALEACIÓN CrCoMo

Sánchez TSM¹, Dávalos CKV¹, Aguilar S. M. A.¹, Piña BMC²

¹Universidad Autónoma Metropolitana – Unidad Iztapalapa

²Universidad Nacional Autónoma de México

phanie85@yahoo.com.mx

Muchos de los materiales que se introducen en el cuerpo para tratar, aumentar o sustituir algún tejido, órgano o función del cuerpo son de origen metálico; entre los más utilizados se encuentra la aleación CrCoMo de la que se ha observado que es compatible con el medio fisiológico, a pesar de que sus componentes por sí solos resultan ser tóxicos pero cuando son mezclados, su citotoxicidad se reduce. El papel de cada uno de estos elementos en la aleación es muy importante confiriéndole resistencia a la corrosión y al desgaste como consecuencia de la oxidación producida por el medio fisiológico. En México recientemente, un grupo de investigadores han desarrollado la misma aleación de CrCoMo por un proceso distinto al comúnmente utilizado, variando la proporción en peso de sus componentes, de acuerdo con la norma ASTM F-79, para su posible aplicación como biomaterial.

El objetivo de este trabajo fue determinar el efecto citotóxico de esta nueva aleación de CrCoMo en cultivos de linfocitos humanos utilizando como biomarcador el índice mitótico. Para ello, se cultivaron linfocitos de 4 donadores sanos adultos con una edad promedio de 23 años; de cada uno de ellos se formaron 4 lotes los cuales fueron expuestos a diferentes concentraciones de la aleación: 0, 5, 10, 25 mg/ml durante 48 horas. Previo a ser cosechados se añadió colcemid a cada uno. Se elaboraron las preparaciones se tiñeron con Giemsa y se calculó la proporción de células en mitosis en 6000 células por lote de cada donador. Los resultados indican que el índice mitótico en los lotes experimentales es significativamente inferior con respecto al observado en el lote control. Lo anterior demuestra que la presencia de esta aleación (CrCoMo) si tiene un efecto citotóxico para lo que sugerimos modificar el proceso de preparación de esta aleación con el fin de preservar las propiedades que la hace un material adecuado para su empleo en la clínica.

VICIA FABIA, UN SISTEMA VEGETAL PARA EVALUAR DAÑO AL DNA MEDIANTE ELECTROFORESIS UNICELULAR

Flores-Márquez A.R., Cortés-Eslava J., Gómez-Arroyo S. y Villalobos-Pietrini R.
aflores@atmosfera.unam.mx

Laboratorios de Citogenética y Mutagénesis Ambientales, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México, Coyoacán 04510. México D.F. Las plantas por su elevada sensibilidad han demostrado ser un excelente material para monitorear contaminantes del ambiente, son sistemas económicos y fácilmente manejables, por lo que es necesario desarrollar nuevas técnicas para ampliar la batería de pruebas con vegetales. La electroforesis unicelular o ensayo cometa en condiciones alcalinas se ha utilizado en un sinnúmero de organismos, entre ellos las plantas. El objetivo de este trabajo fue establecer la técnica de electroforesis unicelular en *Vicia faba* (haba), así como evaluar la genotoxicidad del dicromato de potasio, utilizando como parámetro de daño el momento de la cola. La metodología aplicada se basó en diversos autores, para ello las semillas se pusieron a germinar y las raíces se expusieron por 2 h al compuesto de cromo a las concentraciones 10^{-1} M, $10^{-1.5}$ M y 10^{-2} M, después de tratadas se cortaron y sumergieron en un amortiguador frío. Para el aislamiento de los núcleos se probaron varios amortiguadores en el cual se rebanaron las raíces. Las preparaciones se hicieron en portaobjetos precubiertos con agarosa, poniendo una mezcla de partes iguales de la suspensión nuclear y de agarosa de bajo punto de fusión (1%). Para seleccionar los tiempos adecuados de pre-electroforesis y de electroforesis se utilizaron 10, 15 y 20 min así como 15, 20 y 30 min, respectivamente. Después de neutralizar y teñir las preparaciones, se observaron al microscopio de fluorescencia y empleando el software Comet Assay IV, se determinaron los datos de 25 núcleos en 3 preparaciones por grupo. La técnica del ensayo cometa quedó establecida con las siguientes condiciones: el corte de las raíces y el aislamiento de los núcleos debe hacerse en PBS, los tiempos óptimos de pre-electroforesis y electroforesis son de 20 min y es muy importante trabajar con luz tenue a partir del aislamiento nuclear. Los promedios del momento de la cola (1.90, 11.8 y 24.0) del dicromato se incrementaron al aumentar la concentración y fueron significativamente diferentes del testigo (0.37). Este trabajo muestra la alta sensibilidad de *Vicia faba*, haciéndola muy útil para evaluar daño al DNA mediante el ensayo cometa.

EFFECTO GENOTÓXICO DEL INSECTICIDA VOLATÓN EN *Vicia faba* DETECTADO MEDIANTE EL ENSAYO COMETA.

¹Gómez-Arroyo S., ¹Cortés-Eslava J., ²Flores-Márquez A.R. y ²Villalobos-Pietrini R.
slga@atmosfera.unam.mx

¹Laboratorios de Citogenética y ²Mutagenesis Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México, Coyoacán 04510 México, D.F.

Entre los agentes químicos ambientales están los insecticidas, algunos que han sido prohibidos en muchos países por su comprobado daño a la salud y a los recursos naturales, continúan utilizándose indiscriminadamente en México. Por lo que es importante examinar sus efectos sobre el ambiente y la salud humana con el fin de reunir elementos para pugnar por su regulación. Actualmente no se dispone de muchos ensayos para detectar la genotoxicidad de xenobióticos, así el ensayo cometa o electroforesis unicelular en este trabajo se aplica a tejidos vegetales para determinar el daño inducido al ADN con lo que se amplía significativamente la utilidad de las plantas en estudios básicos y aplicados en mutagénesis ambiental. El objetivo de esta investigación fue evaluar el potencial genotóxico del insecticida volatón en la raíz de *Vicia faba* mediante el ensayo cometa. Para lo cual cortes de raíz de haba previamente sometidos a concentraciones crecientes del insecticida (500, 1000, 2000, 3000, 5000 y 10000 ppm) se “rebanaron” para liberar mecánicamente los núcleos aislándolos en PBS pH=7.4; 50 µl de esta suspensión se mezclaron con igual volumen de agarosa de punto de fusión bajo (1%), colocándose sobre un cubreobjetos, se le empalmó un portaobjetos cubierto previamente con agarosa de punto de fusión normal, se dejaron solidificar sobre una placa fría y se pusieron en solución de lisis pH=10 al menos 1 h. Se incubaron en amortiguador de electroforesis por 18 min para favorecer el desenrollamiento del ADN, se corrió la electroforesis por 20 min. Se neutralizaron con Tris 0.4 M a pH=7.5, se fijaron con etanol 100%, se tiñeron con bromuro de etidio, observadas al microscopio de fluorescencia y registradas mediante el software Comet Assay IV. El insecticida incrementó significativamente frecuencia, longitud de cometas y momentos de la cola (MC), se observó relación concentración-respuesta y en la dosis mayor el valor de MC se elevó más de 17 veces respecto al testigo. El testigo positivo (dicromato de potasio 0.5 M) produjo valores del MC mayores a 11. Se probó la sensibilidad de este ensayo y la utilidad de un sistema vegetal para evaluar genotoxicidad de contaminantes ambientales.

EFFECTOS GENOTÓXICOS DE LOS COMPUESTOS DE CROMO (III Y VI) Y DE LA ACCIÓN DE LA CLOROFILINA SOBRE LA FRECUENCIA DE MICRONÚCLEOS EN RATONES DE LA CEPA CD-1 TRATADOS CON CrO₃

García-Rodríguez M. C., Pereyra-Mejía P., Macedo-Evaristo C. y Altamirano-Lozano M.
Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN), FES-
Zaragoza, UNAM, D.F. maricar_67@yahoo.com

Aunque los compuestos de Cr (III) son capaces de dañar directamente al ADN, los compuestos de Cr (VI) presentan mayor potencial genotóxico ya que estos últimos son capaces de atravesar la membrana celular y reducirse hasta Cr (III) generando especies reactivas de oxígeno (ERO's) que a su vez inducen daño al ADN. El estudio de sustancias con propiedades antimutágenas y anticancerígenas ha surgido como una opción para contrarrestar los efectos genotóxicos de los agentes a los cuales nos encontramos expuestas las poblaciones humanas. La clorofilina (CFL), sal de sodio y cobre de la clorofila, ha mostrado en diversos ensayos de prueba actividad antimutágena y anticancerígena. En este trabajo se estudiaron los efectos genotóxicos de diferentes compuestos de Cr (VI) y Cr (III) y la acción de la CFL sobre el daño al

ADN. Se evaluó la frecuencia de micronúcleos (MN) en sangre periférica de ratón empleando la técnica con naranja de acridina. Ratones de la cepa CD-1, fueron tratados por vía i.p. con 25 mg/kg de peso corporal de los compuestos de Cr (III) [CrK(SO₄)₂], Cr (VI) [(CrO₃), (Na₂Cr₂O₇) y (K₂CrO₄)] y 20 mg/kg de CFL. Los resultados muestran un incremento en la frecuencia de MN estadísticamente significativa solo en los grupos tratados con Cr (VI). Estos datos corroboran la hipótesis de que los compuestos de Cr (VI) inducen mayor daño genotóxico *in vivo* que los compuestos de Cr (III). Cuando se combinaron los tratamientos de la CFL con CrO₃, la frecuencia de MN disminuyó significativamente, lo cual indica protección de la CFL del daño al ADN inducido por el CrO₃. Sin embargo, al administrar una solución de CFL+CrO₃ (preparados 4 horas antes de su aplicación) no se redujo la frecuencia de MN, lo que sugiere que el mecanismo de protección de la CFL no es interactuando directamente con el CrO₃ (formación de complejo) como lo hace con otros mutágenos, sino que podría estar más relacionado con la captura de radicales libres generados por la reducción de Cr (VI) a Cr (III). Proyecto financiado por PAPIIT IN209309.

FACTORES DE RIESGO ADQUIRIDOS ASOCIADOS CON TROMBOFILIA PRIMARIA EN PACIENTES MESTIZOS MEXICANOS.

Hernández-Zamora E¹, Zavala-Hernández C², Martínez-Murillo C^{3,4}, Arenas-Sordo ML¹, Téllez Gastelum R², Reyes-Maldonado E⁵.

¹Laboratorio Central de Patología Clínica, ²Servicio de Genética, INR; ³Unidad de Investigación Médica en Trombosis, Hemostasia y Aterogénesis IMSS; ⁴Clínica de Hemostasia y Trombosis Hospital General de México; ⁵Laboratorio de Citología, Departamento de Morfología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas IPN.

Introducción. Por su origen, las trombofilias pueden ser hereditarias (primarias) o adquiridas (secundarias). En menos de la mitad de pacientes con cuadros recurrentes de trombofilia puede detectarse una anomalía que involucre los mecanismos de regulación de la hemostasia. En general las condiciones que favorecen la trombosis son la activación del sistema de la coagulación, el aumento de la actividad plaquetaria, la disminución de la actividad fibrinolítica, el daño o alteración endotelial y la deficiencia de inhibidores naturales de la hemostasia.

En México las causas de trombosis aún no son bien conocidas, debido a que los informes que existen no estudian todas las posibles etiologías y es muy probable que sean diferentes en comparación con la población caucásica.

Objetivo. Estudiar algunos factores de riesgo primarios y secundarios así como su asociación en pacientes mestizos mexicanos con trombofilia, y determinar su frecuencia.

Material y métodos. A 200 pacientes con diagnóstico de trombofilia primaria y 100 sujetos controles sanos se les realizó historia clínica, que incluyó: Antecedentes patológicos, no patológicos y heredo-familiares, padecimiento actual, exploración física completa y se investigaron los factores de riesgo. Finalmente se les realizó un estudio

bioquímico (PC, PS, RPCa, AT y Plg) y un estudio molecular por RFLPs (MTHFR 677, FV Leiden y PT 20210).

Resultados. De 200 pacientes con diagnóstico de trombosis, 144 (72%) trombosis venosa y 56(28%) trombosis arterial; 149 (74.5%) presentaron alguna alteración de tipo primaria y de ellos 53 tuvieron factores de riesgo secundarios adicionales a las alteraciones encontradas; y 96 no presentaron ningún factor de riesgo secundario adicional a la alteración primaria. Los 51 (25.5%) pacientes negativos restantes para los marcadores trombofílicos, tampoco tuvieron ningún factor de riesgo secundario, lo que sugiere que quizás haya otra causa que esté predisponiendo al paciente a desarrollar trombosis.

Conclusión. La trombofilia es una enfermedad multifactorial que depende de la influencia de factores adquiridos para que los genéticos se expresen. La asociación entre factores de riesgo adquiridos con los hereditarios son causas de trombosis: tabaquismo y deficiencia de la PC, tabaquismo y deficiencia de AT, así como la obesidad y la deficiencia del Plg.

ANÁLISIS DE LA ACTIVIDAD DE CASPASAS EN TIMOCITOS DE RATAS DESNUTRIDAS POR CITOMETRÍA DE FLUJO.

López-Torres D, Ortiz-Muñiz R, Cortés-Barberena E.

Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo. Departamento de Ciencias de la Salud. Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. genexpltd@gmail.com

La desnutrición calórico-proteica se relaciona con una respuesta inmunológica deficiente. En desnutrición grave el desarrollo del timo se ve seriamente afectado, observándose atrofia e incremento de apoptosis en timocitos.

La apoptosis en timocitos es necesaria para la permanencia de linfocitos competentes y la alteración en el balance de este proceso origina desórdenes en la capacidad de la respuesta inmunológica, tales como autoinmunidad o inmunodeficiencia.

El objetivo de este trabajo fue evaluar la actividad de caspasas en cada fase del ciclo celular. Se estudiaron cuatro grupos de ratas: bien nutridas, desnutridas, bien nutridas tratadas con dexametasona y desnutridas tratadas con dexametasona.

La desnutrición se indujo por competencia de alimento durante la lactancia con camadas de 16 crías y las ratas bien nutridas en camadas de 6 crías. 20 horas antes del día 21 se trató un grupo de ratas bien nutridas y desnutridas con dexametasona (25 mg/Kg de peso corporal). En el día 21 fueron sacrificadas para extraer el timo, obteniendo una suspensión celular, para determinar la actividad de caspasas se utilizó el kit para detección de apoptosis poli-caspasas FLICA, el cual utiliza un inhibidor de caspasas unido a un fluorocromo (FLICA), que una vez dentro de la célula se une covalentemente a las caspasas activas. Para determinar las fases del ciclo celular por contenido de ADN, las muestras fueron tratadas con ARNasa y yoduro de propidio. Las muestras se analizaron por citometría de flujo.

Se observó disminución de timocitos en cada fase del ciclo celular (G1:59.5%; S:21.8%; G2/M:6.6%) en ratas desnutridas en comparación con las ratas bien nutridas (G1:64.3%; S:23.6%; G2/M:7.9%). En timocitos de ratas desnutridas se presentó mayor actividad de caspasas durante la fase S (5.9%) con respecto a G1 (3.7%) y

G2/M (3.1%), mientras que en ratas bien nutridas se presentó mayor actividad durante las fases S (2.4%) y G2/M (2.2%). El análisis de la región subG1 determinó incremento de apoptosis tardía en timocitos de ratas desnutridas y en grupos expuestos a la dexametasona.

Agradecimientos a la MVZ Rocío González por las facilidades del Bioterio. Trabajo con apoyo del CONACyT: Fondo investigación científica básica, clave 50804.

ANÁLISIS DEL DAÑO OXIDATIVO Y FORMACIÓN DE MICRONÚCLEOS EN NIÑOS CON INFECCIÓN Y DESNUTRICIÓN MODERADA.

Cervantes RE¹, Rodríguez CL¹, Konigsberg FM², Graniel GJ³ y Ortiz MR¹.

¹Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo. Dpto. Ciencias de la Salud. Universidad Autónoma Metropolitana. ² Laboratorio de Bioenergética y Envejecimiento Celular. Dpto. Ciencias de la Salud. Universidad Autónoma Metropolitana. ³ Hospital Pediátrico Iztapalapa del Gobierno del D.F. Avenida San Rafael Atlixco 186, CP 09340, México D.F. arom@xanum.uam.mx

De acuerdo al déficit de peso/talla y características clínicas, la desnutrición puede clasificarse en leve, moderada y grave. Se ha reportado que los organismos desnutridos presentan una respuesta antioxidante deficiente y estrés oxidativo. Esto podría generar daño al ADN nuclear lo cual podría relacionarse con la formación de micronúcleos (MN).

El objetivo del presente trabajo fue evaluar la formación de MN, daño oxidativo y actividad de Superóxido dismutasa (SOD) en eritrocitos de sangre periférica de niños bien nutridos (BN), bien nutridos con infecciones (BNI) y con desnutrición moderada con infecciones (DESM).

Daño oxidativo. Evaluación con ensayo de hemólisis. Un concentrado de eritrocitos se incubó con solución de AAPH, induciéndose liberación de hemoglobina. La concentración de hemoglobina se midió espectrofotométricamente. Se calculó porcentaje de hemólisis.

MN. Detección con citometría de flujo, utilizando antiCD71-FITC para diferenciar reticulocitos (RET) de eritrocitos (E), anti CD61-PE para plaquetas y yoduro de propidio para detectar ADN de los MN. Se calculó el porcentaje de RET con MN (RET-MN) y E (E-MN).

SOD. Valoración actividad. Se empleó estuche comercial RANSOD.

Hemólisis: Los datos mostraron que DESM presentó un mayor porcentaje de hemólisis en la tercera hora (133%) en comparación con BN (83%) y BNI (48%). Conformación Grupos: BN, 6; BNI, 5 y DESM, 3 niños.

MN: Se observó que DESM presentó incremento (RET-MN: 2.2%, E-MN: 0.12 %) en comparación con BN (RET-MN: 1.1, E-MN: 0.06%) y con BNI (RET-MN: 1.4, E-MN: 0.12%). Grupos: BN, 10; BNI, 11 y DESM, 7 niños.

SOD: Se observó que DESM tuvo un decremento en la actividad de SOD (110 USOD/mL) en comparación con BN (115 USOD/ mL). Con respecto a BNI (107.5 USOD/mL) se observó una actividad disminuída en comparación con BN y DESM. Grupos: Cada uno conformado por 3 niños.

Los resultados muestran que los niños con desnutrición moderada presentan mayor daño oxidativo y respuesta antioxidante deficiente. Estos pueden vincularse con el incremento en el daño al ADN y la mayor formación de MN. Las alteraciones están directamente relacionadas con la desnutrición moderada. Este grado de desnutrición es más frecuente que la grave y ha sido menos estudiada.

Trabajo con apoyo del CONACYT: Fondo investigación científica básica, clave 50804

* Beca del CONACYT para estudios de Doctorado número 185573.

CAPACIDAD PROTECTORA DEL LICOPENO SOBRE LA GENOTOXICIDAD Y CITOTOXICIDAD DEL BENZOPIRENO EVALUADA MEDIANTE LA TÉCNICA DE MICRONÚCLEOS

García-Segura L, Fragoso-Antonio S, Serrano-Núñez G, Martínez-Rodríguez L, Morales-González JA, Madrigal-Santillán E, Cariño-Cortes R*

Instituto de Ciencias de la Salud. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Pachuca Hgo., Tel. 01 771 7172000, ext 5107, 5113, 5117.

*e-mail: raquelcarcortes@gmail.com

El licopeno es un caroteno que aporta la coloración rojiza o anaranjada a diversos vegetales. Los antecedentes encontrados hasta el momento indican que tiene bioactividad antioxidante y anticarcinogénica, sin embargo, no hay suficientes estudios que evalúen su efecto quimioprotector contra el daño producido por el benzopireno en un modelo *in vivo*. El objetivo del estudio tuvo como finalidad evaluar la capacidad anticlastogénica del licopeno contra el daño producido por el benzopireno. Inicialmente, se extrajo el caroteno del jitomate mediante un equipo soxhlet, usando hexano como medio de arrastre y manteniendo al extracto en nitrógeno. Se continuó con el ensayo *in vivo*, con una duración de 2 semanas (período de tratamiento y recuperación), organizándose los lotes experimentales de la siguiente manera: a) se incluyó un testigo negativo (licopeno por vía oral en 30mg/kg), b) un lote positivo, donde se administró benzopireno por vía oral (200 mg/kg), y tres lotes combinados del mutágeno más el licopeno con dosis de 3, 10 y 30 mg/kg. Se realizaron frotis sanguíneos que fueron teñidas y observados al microscopio para cuantificar los micronúcleos en 1000 eritrocitos normocromicos (ENCMN) y determinar la relación de eritrocitos policromáticos (EPC) con respecto a los eritrocitos normocromicos (ENC). Los resultados indicaron que: El análisis del espectrofotómetro de fluorescencia mostró un valor característico al licopeno (475nm); dato corroborado por un análisis de Infrarrojo que indicó grupos químicos asociados al caroteno. El licopeno no produjo ningún efecto tóxico per se, por el contrario, el benzopireno incrementó la frecuencia de ENCMN y disminuyó el número de EPC desde las 96 h de tratamiento. Una vez eliminado el mutágeno se alcanzaron valores comparables al lote negativo. Con respecto al potencial antigenotóxico, se observó que la dosis más alta (30 mg/kg) produjo una protección desde las 96 h, sin embargo, el mayor efecto (70%) fue a las 144 h de tratamiento. En relación a la capacidad anticitotóxica se observó un efecto semejante en este período. Una vez eliminados los compuestos se alcanzaron valores similares al grupo negativo.

ACTIVIDAD ANTIGENOTÓXICA DEL KIWI (*Actinidia chinensis*) FRENTE A MUTÁGENOS AMBIENTALES.

¹Cortés-Eslava J., ¹Ojeda Z. P.M., ¹Saldívar M. G., ¹Gómez-Arroyo S., ²Villalobos-Pietrini R. montse_zaragoza@hotmail.com

¹Laboratorio de Citogenética y ²Mutagenesis Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM, México.

Gran cantidad y variedad de sustancias de uso cotidiano, producto de la actividad humana y el uso extensivo de plaguicidas pueden contaminar con agentes genotóxicos el aire, agua, suelo, alimentos, fármacos, cosméticos, productos de limpieza e higiene personal, etc. El Ensayo de Ames detecta mutágenos ambientales empleando cepas muy sensibles de *Salmonella typhimurium* dependientes de histidina (His⁻); si se le introducen fracciones microsómicas animales o vegetales puede detectar promutágenos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto antigenotóxico del jugo de Kiwi frente a la 4-nitro-*o*-fenilendiamina (NOP) y el insecticida gusatión y sus metabolitos vegetales en *S. typhimurium*. Para obtener la fracción S10 de *Vicia faba*, se germinó, la raíz se maceró en amortiguador, se homogeneizó, centrifugó y filtró, todo a 4 °C. El jugo del kiwi se obtuvo con un extractor casero, se centrifugó a 4000 xg por 60 min a 4 °C, se ajustó el pH a 7.4, se filtró y se mantuvo en hielo. La cepa TA98 de *S. typhimurium*, se incubó en medio Luria a 37° C durante 16 horas. En 2 ml de agar de superficie se añadieron concentraciones fijas de NOP y de gusatión, 500 µl de S10, 100 µl de suspensión de bacterias, se agitó, se sembró por triplicado en agar mínimo y se incubó 48 h a 37 °C. Se registró la reversión inducida y su disminución por el jugo de kiwi. Los protocolos de aplicación fueron: previo al tratamiento, simultáneo y post-tratamiento. Los resultados obtenidos indican que el jugo de Kiwi por sí mismo no afectó la reversión espontánea y la mutagenicidad inducida por los metabolitos de la NOP se redujo hasta 47 %; la aplicación pre-tratamiento del kiwi fue la más eficiente. La fracción S10 de *Vicia faba* transformó ambos agentes químicos incrementando su mutagenicidad y disminuyó la toxicidad del gusatión. La alta toxicidad del gusatión y la capacidad del Kiwi para desintoxicar el medio coinciden con trabajos previos realizados con otros vegetales. El efecto antimutagénico del extracto de Kiwi (*Actinidia chinensis*) frente a los metabolitos de la NOP y del gusatión se demostró ampliamente.

EFEECTO HEPATOPROTECTOR Y ANTIOXIDANTE DE LOS EXTRACTOS ACETONICO Y METANOLICO DE *HETEROTHECA INULOIDES* EN UN MODELO IN VIVO DE HEPATOXICIDAD CON TETRACLORURO DE CARBONO.

Coballase-Urrutia E.^{1,2,5}, Pedraza-Chaverri J³, Cardenas N¹, Huerta B¹, García M¹, Morales R¹, Sanchez C⁴, Martínez R⁴, Camacho-Carranza R⁵, Espinosa-Aguirre JJ⁵.

¹Laboratorio de Neuroquímica, INP, México D.F., ²Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM., ³Facultad de Química, Departamento de Biología, Edificio F, UNAM.,

⁴Departamento de Biología Celular, Escuela Médico Militar, México D.F.,

⁵Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, IIB, UNAM.

Se ha propuesto el uso de antioxidantes naturales en la prevención de diversas patologías generadas por un aumento del estrés oxidante. *Heterotheca inuloides*

conocida como "árnica", utilizada en medicina tradicional para tratamientos contra contusiones, hematomas, y procesos inflamatorios, contiene una variedad de compuestos con gran potencial antioxidante. **Objetivo:** Investigar el efecto hepatoprotector y antioxidante de los extractos acetónico y metanólico del árnica, así como el de un componente presente en ambos extractos (quercetina), frente al daño oxidativo inducido por tetracloruro de carbono (CCl_4) en la rata. **Metodología:** Se utilizaron ratas Wistar macho (200 g). Se formaron 9 grupos de estudio incluyendo animales tratados con CCl_4 y la combinación de CCl_4 con uno de los extractos o con quercetina. Se utilizó la técnica de resonancia paramagnética (EPR) para demostrar la capacidad atrapadora de O_2^- (anión superóxido) de ambos extractos. Para hacer una estimación general del efecto hepatoprotector, se evaluó la actividad de las enzimas aspartato amino transferasa (AST) y alanin amino transferasa (ALT). Posteriormente, para investigar los mecanismos de protección, se determinó la actividad hepática de las enzimas antioxidantes superóxido dismutasa (SOD), catalasa (CAT), glutatión peroxidasa (GPx), glutatión reductasa (GR) y glutatión-S-transferasa (GST). El potencial de los extractos para atrapar radicales libres *in vivo*, fue evaluado mediante el estudio inmunohistoquímico de la formación de 4-hidroxinonenal (4-HNE) y 3-nitrotirosina (3-NT), marcadores de daño oxidativo en tejidos. **Resultados:** El pretratamiento con ambos extractos, redujo el incremento en la actividad de los niveles de AST y ALT así como de la lipoperoxidación tisular de los animales tratados con CCl_4 . El efecto protector fue confirmado por el análisis histológico de los tejidos (H&E, PAS). El EPR demostró que ambos extractos atrapan al O_2^- , siendo mejor el extracto metanólico. Adicionalmente, el pretratamiento con los extractos o la quercetina, impidió la disminución en las enzimas antioxidantes CAT, SOD, GPx, GR y GST. **Conclusiones:** Ambos extractos y la quercetina poseen actividad antioxidante capaz de contender con los radicales libres inducidos por el tratamiento con CCl_4 .

EFFECTO ANTIGENOTÓXICO DEL JUGO DE TORONJA SOBRE EL BENZO[a]PIRENO Y SU POSIBLE RELACION CON LA INHIBICIÓN DEL CITOCROMO P450

Olguin-Reyes, S.R.^a, Flores-Torres, M.^a, Alvarez-Gonzalez, I.^b, Mojica, R.^b, Madrigal-Bujaidar, E.^b, Espinosa-Aguirre, J.J.^a

^aDepartamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, México D.F.

^bLaboratorio de Genética, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, I.P.N., México D.F.

*jjea@servidor.unam.mx

Se tienen documentadas las propiedades inhibitorias del jugo de toronja (JT) sobre la actividad enzimática del citocromo P450 3A (CYP3A) y su interacción con la farmacocinética de algunos fármacos. El JT puede alterar el metabolismo de otros fármacos que no son sustratos del CYP3A, sugiriendo que otras isoformas de CYP pueden ser afectadas. Algunos componentes del JT, como la bergamotina (BG), 6',7'-dihidroxi-bergamotina (DHB) y naringina (NG) han mostrado una potente actividad inhibitoria sobre ciertas isoformas de CYP.

El objetivo fue determinar el efecto inhibitorio del JT y algunos de sus componentes (BG, DHB y NG) en la actividad de las subfamilias 1A y 2B.

Examinamos: 1) inhibición *in vitro* de la actividad etoxiresorufin-*O*-deetilasa (EROD) del CYP1A1 en microsomas por JT; 2) inhibición *in vitro* de la actividad microsomal EROD del CYP1A1, metoxiresorufin-*O*-demetilasa (MROD) del CYP1A2, pentoxiresorufin-*O*-dealquilasa (PROD) del CYP2B1 y benziloxiresorufin-*O*-dealquilasa (BROD) del CYP2B2 en microsomas por componentes del JT y 3) potencial antigenotóxico del JT sobre el daño generado por benzo[a]pireno (BaP) utilizando la prueba de micronúcleos. Los resultados muestran que el JT inhibe de manera dependiente de la concentración, la actividad EROD *in vitro* en microsomas hepáticos de ratones tratados con BaP. A la máxima concentración de JT (5% v/v) se inhibe el 85% de la actividad.

La administración de JT después de BaP disminuye 29% de micronúcleos en eritrocitos policromáticos (MNCE) a 48 h y 57% a 72h. La actividad EROD de microsomas hepáticos de ratones tratados con JT y BaP muestra una reducción del 20% y 40 %, respectivamente.

Respecto a los componentes del JT, CYP1A1 fue inhibido por BG (IC₅₀ 0.19 µM) y por DHB (IC₅₀ 3.15 µM). CYP2B2 fue inhibido por BG (IC₅₀ 4.5 µM) y DHB (IC₅₀ 48.2 µM). BG inhibió a CYP1A2 más que DHB (IC₅₀ 5.1 y 54.5 µM, respectivamente) y CYP1B1 fue menos inhibido por ambos componentes (IC₅₀ 9.5 and 55 µM, respectivamente). NG no mostró un efecto inhibitorio sobre las isoformas de CYP evaluadas, sugiriendo que BG puede ser el principal componente del JT con posible potencial antigenotóxico debido a su capacidad para inhibir a CYP1A1.

EFFECTO ANTIGENOTÓXICO DEL JUGO DE TUNA CONTRA EL DAÑO PRODUCIDO POR EL METIL METANOSULFONATO.

García-Melo LF, Peña-Preciado I, Melo Adán, Morales-González JA, Madrigal-Santillán E, Valadez-Vega MC, Hernández-Ceruelos A*.

Instituto de Ciencias de la Salud. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Pachuca Hgo., Tel. 01 771 7172000, ext 5107, 5113, 5117.

*e-mail: alejandraceruelos@hotmail.com

La tuna es un alimento mexicano con un elevado valor nutricional. Recientemente, se ha incrementado el interés por analizar su capacidad quimioprotectora debido a que su estructura química presenta compuestos antioxidantes como betalaínas, carotenoides y flavonoides. El objetivo del presente estudio fue determinar el potencial antigenotóxico del jugo de tuna variedad roja-púrpura (JTRP) contra el daño producido por el metil metanosulfonato (MMS) evaluado con el ensayo de micronúcleos (MN). Inicialmente, se determinó el efecto antioxidante de tres variedades de tuna (blanca-verde, amarilla-anaranjada y roja-púrpura) por medio de la técnica del DPPH. El resultado mostró que el JTRP fue el de mayor capacidad para interceptar radicales libres. A partir de esto, se consideraron las dosis empleadas en el experimento *in vivo*, el cual, tuvo una duración de 3 semanas. En las dos primeras se administró el jugo para determinar el potencial genotóxico per se y en la última se evaluó el efecto antigenotóxico. Durante este periodo, se tomaron muestras sanguíneas para realizar frotis que posteriormente se tiñeron y se observaron al microscopio para cuantificar los MN en 1000 eritrocitos policromáticos (EPCMN), así como, el número de eritrocitos policromáticos (EPC) con respecto a los eritrocitos normocromáticos (ENC). Los lotes experimentales se

organizaron de la siguiente manera: a) se incluyó un testigo negativo, b) un lote control de JTRP administrado por vía oral con la dosis más alta, c) un lote positivo, donde se administró MMS vía IP (dosis de 40 mg/kg), y tres lotes combinados de MMS más el jugo de tuna en dosis de 8.3, 16.5 y 25 mg/kg. Los resultados indicaron que el JTRP no es un agente inductor de MN ni con capacidad citotóxica. Por el contrario, puede reducir significativamente la frecuencia EPCMN desde las 48h de tratamiento. Tiene un efecto anticlastogénico dosis-dependiente, debido a que la mayor protección fue con la dosis más alta (87%). En relación al efecto anticitotóxico del JTRP, solamente se observó una ligera protección de las células en la médula ósea, ya que la dosis empleada del MMS no produjo un daño celular significativo para poderlo comparar con los demás grupos experimentales.

ESTUDIOS *IN VIVO* E *IN VITRO* DEL EFECTO GENOTÓXICO DEL GLIFOSATO (N-FOSFONOMETIL GLICINA) EN DIFERENTES ORGANISMOS

Rivera-León EA¹, Ramírez-Benitez MC^{1,2}, Palmeros-Sánchez B^{1,2}, Fernández MS¹

¹Laboratorio de Toxicología Ambiental, Facultad de Biología y ²Facultad de Bioanálisis, Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n Zona Universitaria CP. 91000, Xalapa, Ver. socouv@yahoo.com

Introducción. El Glifosato es un herbicida organofosforado de amplio espectro, no selectivo, utilizado mundialmente. En el Estado de Veracruz se usa para controlar el crecimiento de malezas en diferentes cultivos (caña de azúcar, cítricos, café y otros), así como para controlar el crecimiento de maleza en las orillas de carreteras y caminos. Este herbicida generalmente se utiliza en grado técnico a una concentración de 98.4% de ingrediente activo (IA), o en formulaciones donde se varía la concentración del IA mezclándolo con algún surfactante y material inerte.

Buena parte de los estudios realizados, tanto *in vitro* (con y sin activación metabólica) como *in vivo*, en modelos procariontes y eucariontes para determinar su efecto en los organismos se han hecho con glifosato grado técnico (>98%) y la mayoría reporta resultados negativos. Sin embargo, aunque se han realizado menos estudios con las formulaciones comerciales utilizadas en campo, estos reportan efectos citotóxicos (micronúcleos) y aberraciones cromosómicas.

Objetivos. Determinar el efecto citotóxico y/o genotóxico de la formulación comercial de glifosato (Faena) en *Allium cepa*, *Uca* sp. y *Eisenia fétida* relacionándolo con el daño observado en trabajos previos hechos en *Danio rerio* y *Artemia franciscana*.

Métodos. Meristemos radiculares de *Allium cepa* se expusieron durante 4 horas a 150, 175, 275 y 400 ppm de glifosato, 24 hrs. Recuperación. El daño a nivel celular se detectó microscópicamente en preparaciones fijas y el DNA se purificó para el ensayo de DNA en escalera (daño genotóxico). Para establecer la CL₅₀ para *Uca* sp y *Eisenia fétida* lotes de 10 individuos se expusieron a 140 y 280 ppm. En todos los ensayos se utilizó la formulación comercial "Faena" (Monsanto, 145 g/L de IA glifosato).

Resultados. En cebolla 275 y 400 ppm provocan la formación de micronúcleos, y 400 ppm disminuyen significativamente el índice mitótico. El ensayo de DNA en escalera no fue concluyente pero mostró disminución del DNA genómico.

La determinación de la CL₅₀ para cangrejos demostró que 280 ppm durante 96 horas no provocó muerte significativa; sin embargo, provocó la muerte del 100% de las lombrices desde 5 a 60 min. Estos resultados contrastan con las CL₅₀ obtenidas para *Danio rerio* (1.487 ppm) y *Artemia franciscana* (60.96 ppm).

Conclusiones. Los resultados obtenidos demostraron que la toxicidad del glifosato varía de un organismo al otro, por lo que es necesario determinar la CL₅₀ para cada organismo.

EVALUACIÓN DE LOS INTERCAMBIOS DE CROMÁTIDAS HERMANAS, ÍNDICE DE REPLICACIÓN E ÍNDICE MITÓTICO EN LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS *IN VITRO* CON ACETATO DE TALIO

Felipe RM, Altamirano LMA y Rodríguez MJJ*

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN). L5PA Unidad Multidisciplinaria de Investigación Experimental, FES-Zaragoza, Campus II, UNAM A. P. 9-020, México 15000, D. F. * juserom@correo.unam.mx

Diversas investigaciones han reportado la toxicidad que ejerce el talio (TI) y sus compuestos sobre los seres vivos. Como metal no es común que cause intoxicaciones, pero sus sales ampliamente usadas en la elaboración de diversos productos, como el carbonato en fungicidas, sulfato en raticidas o en formicidas y acetato de talio en la industria cosmética, por mencionar algunos, sumado a la liberación en el ambiente por la industria cementera y eléctrica, ha causado preocupación por los efectos adversos en la salud humana y su repercusión en la ecología. Algunos autores coinciden en que la toxicidad del TI es comparable a la de otros metales como cadmio, níquel, mercurio o plomo. Sin embargo, los estudios relacionados con los efectos genotóxicos del TI son escasos y poco concluyentes, por lo que en este trabajo se evaluó la toxicidad del acetato de talio (CH₃COOTI) en diferentes concentraciones (100, 50, 10, 5, 1 y 0.5 µg/ml) en cultivos de linfocitos humanos y la técnica de tinción diferencial de cromátidas hermanas. Para lo cual se tomó una muestra de sangre periférica de un donador de 23 años, clínicamente sano y sin historia reciente de exposición a fármacos o radiación. Se hicieron dos cultivos por concentración de TI y se evaluaron en total por tratamiento 16000 células para índice mitótico (IM), 200 células para índice de replicación (IR) y 100 células en segunda división para cuantificar los intercambios de cromátidas hermanas (ICH). Los resultados obtenidos muestran que el acetato de talio disminuye significativamente el IM en todos los tratamientos con un efecto dependiente de la concentración, del mismo modo disminuye el IR en los tratamientos de 5, 10, 50 y 100 µg/ml, en tanto que los datos de ICH no mostraron cambios considerables, pero sí una tendencia a incrementar la concentraciones de 100 µg/ml. Lo anterior sugiere que el acetato de talio tiene una actividad citotóxica, retrasa el proceso normal de división celular y no muestra un efecto genotóxico claro, sin embargo, es conveniente realizar otras evaluaciones para confirmar estos resultados.

EL ORÉGANO CIMARRÓN (*Poliomintha longiflora*) NO ES GENOTÓXICO EN EL ENSAYO DE MUTACIÓN SOMÁTICA Y RECOMBINACIÓN MITÓTICA (SMART) EN LAS ALAS DE *Drosophila melanogaster*

Romero GE¹, Muñoz-Ocoterov², Ordaz- Téllez MG¹, Rodríguez-Arnaiz R^{1*}.

¹ Departamento de Biología Celular; ²Departamento de Ecología y Recursos Naturales, Facultad de Ciencias, UNAM. *rosario.rodriquez@ciencias.unam.mx

México es un país con una tradición milenaria en el empleo de plantas con fines medicinales. El País es megadiverso, cuenta con más de 26,000 plantas de las cuales alrededor de 3,400 especies se aprovechan en la herbolaria. *Poliomintha longiflora*, (“orégano cimarrón”) especie de la familia Lamiaceae, es un arbusto perenne que crece en Norteamérica; se distribuye en nuestro país en el norte, centro y sureste. Se emplea para combatir dolores estomacales, respiratorios y musculares, como condimento de alimentos y recientemente se ha demostrado que es un potente conservador de alimentos. En estudios previos se demostró que no es genotóxico en el ensayo de Ames. El objetivo de este estudio fue el de determinar el efecto genotóxico del agua de uso de *Poliomintha longiflora* en la prueba de mutación y recombinación somáticas (SMART) de *Drosophila melanogaster*. La planta fue recolectada en el estado de Hidalgo, a partir de hojas secas y trituradas se elaboraron diferentes concentraciones porcentuales para determinar la tasa de sobrevivencia de las moscas. Para la prueba de SMART, se obtuvieron larvas *+ flr³/ mwh +*, de 72 horas de edad que fueron expuestas a la infusión (1, 5 y 10 %) y decocción (10%) preparadas con hojas secas y trituradas de *Poliomintha longiflora* y al control negativo (agua) administrados en el medio instantáneo (Carolina). Al emerger los adultos, se fijaron en etanol al 70% y se realizaron las preparaciones de las alas. Las observaciones se realizaron en un microscopio óptico (40x), se registraron el número, tipo y tamaño de las manchas recobradas. Los resultados se analizaron con el programa SMART PC-VERSION 2.1. No se encontraron diferencias significativas en la frecuencia de manchas obtenidas entre los tratamientos y el control, por lo cual se puede concluir que *Poliomintha longiflora* no es genotóxica bajo las condiciones de este estudio.

EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DE *Tecoma stans* EN EL ENSAYO DE MUTACIÓN Y RECOMBINACIÓN SOMÁTICA (SMART) EN CÉLULAS DE LAS ALAS DE *Drosophila melanogaster*.

Peraza-Vega RI^{*}, Ordaz-Téllez MG, Rodríguez-Arnaiz R^{**}.

Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias, UNAM

*ricardo_ivan@ciencias.unam.mx, **rosario.rodriquez@ciencias.unam.mx

La planta *Tecoma stans* conocida como “tronadora” (familia Bignonaceae), se emplea en la medicina tradicional para el tratamiento de la diabetes mellitus tipo 2 debido a las propiedades hipoglucemiantes de algunos flavonoides presentes en la planta. Por esta razón es importante evaluar la posible genotoxicidad de la mezcla compleja. En la medicina alternativa el extracto se vende en frascos goteros (tintura) administrándose solamente en ayunas. La evaluación del probable efecto genotóxico de la tintura de *Tecoma stans* se realizó en el ensayo de mutación somática y recombinación mitótica

(SMART) en las alas de *Drosophila melanogaster*. La tintura se adquirió en la tienda del curandero responsable del jardín de plantas medicinales de San Cristóbal de las Casas, Chiapas. Larvas de 72 ± 3 hrs de edad provenientes de la cruce (hembras flr^2/TM^3 con machos mwh/mwh) fueron expuestas a un tratamiento crónico utilizando diferentes concentraciones de la tintura de *Tecoma stans* (0.3mL, 0.225mL, 0.15mL, 0.1125mL y 0.75mL), se corrió el control negativo concurrente (H_2O) y un control positivo [mitomicina C (80ng/mL)]. Los tratamientos a las larvas se efectuaron en frascos homeopáticos (viales) con medio instantáneo (Carolina). Una vez realizadas las preparaciones de las alas, se observaron al microscopio óptico (40x) cuantificando el número, tipo y tamaño de las manchas recobradas. Los resultados se analizaron con el programa SMART PC-Versión 2.1 con un nivel de significancia de $P < 0.05$. No se encontraron diferencias significativas entre la frecuencia de manchas obtenidas en las diferentes concentraciones de *Tecoma* con respecto al control negativo, por lo cual se concluye que tintura comercial de *Tecoma stans* no es genotóxica.

ÍNDICE DE SOBREVIVENCIA Y DE FERTILIDAD COMO INDICADORES DE ACTIVIDAD GENOTÓXICA EN *Drosophila melanogaster*

Muñoz-Hernández A^{1,*}, Ramos-Morales P^{1, 1}, ¹ Lab. de Genética y Toxicología Ambiental, Fac. de Ciencias, UNAM, México, D. F. 04510, México.

Introducción. Existe una gran variedad de biomarcadores utilizados para evaluar la exposición a diversos genotóxicos, ya que el efecto de estos sobre la salud de los organismos depende de diversos factores como el sexo, edad, condición nutricional, estado de salud entre otros. Dentro de las poblaciones expuestas, los organismos que presentan un mismo genotipo (homocigotos), pueden mostrar diferentes niveles de efecto hacia una misma concentración, mientras que unos expresan fuertes evidencias de daño, otros podrían aparentemente no mostrar efecto alguno. **Objetivo:** En este estudio se obtuvo la curva concentración-sobrevivencia de moscas expuestas a colchicina (CO), el efecto sobre su capacidad reproductiva y la inducción de alteraciones somáticas y germinales en la siguiente generación. **Método:** cepas experimentales: y^2w^a/y^2w^a (hembras); $X^{c2}, yf /B^S Yy^+$ machos; cepa testigo: hembras y machos silvestres (WT). Los marcadores utilizados en la cruce experimental distinguen entre eventos de pérdida total (no-disyunción), pérdida parcial (clastogénesis) de cromosomas sexuales; además es posible identificar inestabilidad cromosómica mediante la obtención de mosaicos sexuales (ginandromorfos) en la progenie. Se seleccionó un rango de concentraciones para obtener la concentración letal, a partir de la cual se prepararon disoluciones sucesivas. Larvas de tercer estadio $f B^S$ y WT fueron alimentadas durante 48 h con medio estándar suplementado con CO. Los adultos recobrados fueron cuantificados y separados por sexo para obtener el índice de sobrevivencia (IS). Machos adultos tratados fueron cruzados de manera individual con hembras no tratadas y^2w^a . La progenie recobrada fue cuantificada por sexo y clasificada como regular o excepcional. Se obtuvo el índice de fertilidad (IF) y las moscas fueron analizadas morfológicamente. **Resultados:** Para las moscas WT, la LC50 se obtuvo alrededor de 0.25 mM, mientras que en las moscas $f B^S$ se obtuvo un IS menor comparada con las moscas WT. Los machos tratados con altas

concentraciones produjeron numerosa progenie a concentraciones alrededor de la LC50. En la progenie, la frecuencia de individuos excepciones y mosaicos sexuales mostraron un incremento en las concentraciones más bajas. Finalmente, la comparación entre diferentes biomarcadores permite estimar la variabilidad actual en la respuesta genotóxica.

Agradecimientos. Al Banco de Moscas, Fac. Ciencias, UNAM, por el material biológico.

ESTUDIO DE LA INDUCCIÓN DE CYP2E1 EN CÉLULAS GRANULARES DE CEREBELO

Valencia AC¹, Morán J², Camacho-Carranza R, Espinosa-Aguirre JJ¹

1. Departamento de Toxicología Ambiental y Medicina Genómica, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Tercer Circuito Exterior s/n Universidad Nacional Autónoma de México CP 70-228 04510, DF, México

2. Departamento de Neurociencias, Instituto de Fisiología Celular, Universidad Nacional Autónoma de México, 04510 México, DF, México

El metabolismo *in situ* de endobióticos y xenobióticos en el tejido cerebral, es en gran parte mediado por enzimas de la familia del Citocromo P450 (CYP). Durante el ciclo catalítico de algunos CYP, en especial el Citocromo P450 2E1 (CYP2E1), se forman intermediarios muy reactivos como son las especies reactivas de oxígeno. El daño oxidativo en cerebro ha sido relacionado a su vez con toxicidad en sistema nervioso periférico y enfermedades neurodegenerativas. Actualmente se cuentan con suficientes evidencias que responsabilizan al incremento en la actividad de CYP2E1, después de la exposición a un inductor, con una mayor citotoxicidad de compuestos. El presente estudio explora la posibilidad de que la inducción del CYP2E1 en cerebro, sea capaz de promover daño oxidativo y que éste se manifieste en modificaciones del funcionamiento neuronal. Para ello se utilizaron cultivos primarios de células granulares de cerebelo a los cuales se les expuso por 24 y 48 horas a tres diferentes inductores de CYP2E1: etanol a 17.5, 100 y 400mM; isoniazida a 0.1 y 0.2 mM y nicotina a 5 y 10nM. La exposición desde las primeras concentraciones y a los periodos más cortos de tiempo, indican una inducción de la enzima evaluada por inmunocitoquímica, sin embargo, los experimentos muestran una liberación de especies reactivas de oxígeno (ERO) discreta, valorada con la técnica de dihidroetidina. Evaluando ambos experimentos de inmunodetección del CYP2E1 y generación de ERO por exposición a etanol, se observa que por lo menos las células que tienen generación de ERO también tienen inducido el CYP2E1. Los tratamientos no comprometen la viabilidad celular evaluada con MTT y con la co-tinción con calceína y yoduro de propidio. Los resultados sugieren que no existe relación entre la inducción del CYP2E1 lograda con el etanol, y la citotoxicidad en células granulares de cerebelo.

INFLUENCIA DE LA PRIVACIÓN DE SUEÑO DE MOVIMIENTOS OCULARES RÁPIDOS (MOR) SOBRE EL CITOCROMO P450 Y EL ESTADO OXIDATIVO HEPÁTICO EN LA RATA.

Serrano-Carbonell N¹, Prospero-García O², Valencia-Olvera AC¹, Coballase-Urrutia E³, Camacho-Carranza R¹ y Espinosa-Aguirre JJ¹.

¹Departamento de Medicina Genómica y toxicología ambiental. Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM,² Departamento de Fisiología, Facultad de Medicina, UNAM;³Laboratorio de Neuroquímica, INP.

Antecedentes. El citocromo P450 (CYP) es una familia de enzimas responsable del metabolismo de una gran cantidad de compuestos cuya inducción puede generar estrés oxidativo. Las isoformas 1A1, 1A2 y 2E1 del CYP, se han relacionado con la generación de Especies Reactivas de Oxígeno (ERO's), que provocan estrés oxidativo. Por otra parte, los trastornos de sueño se han asociado a alteraciones metabólicas que también inducen estrés oxidativo. **Hipótesis.** La privación de sueño MOR modula la actividad hepática de Citocromos P450 relacionados con un aumento del estrés oxidativo. **Objetivo.** Determinar si la actividad hepática de CYP 1A1, CYP 1A2 Y CYP 2E1 así como de enzimas antioxidantes se encuentra alterada en ratas sometidas a privación de sueño MOR. **Metodología.** Se utilizaron 24 ratas Wistar macho (250-300 g) las cuales se dividieron en 4 grupos de 6 individuos cada uno. Controles de Privación de Sueño MOR, Privación de Sueño MOR, Controles de Privación de Sueño MOR con Rebote, Privación de Sueño MOR con Rebote. El tiempo de privación de sueño fue de 72 horas mientras que el tiempo de recuperación (rebote), fue de 4 horas. La privación de sueño se realizó utilizando la técnica de "Single Platform". Las determinaciones enzimáticas se realizaron en las fracciones S9 y microsomal de hígado. **Resultados.** Las actividades de CYP1A1 y 2E1 se incrementaron con respecto a sus controles, mientras que la de CYP1A2 no presentó alteraciones después de la privación de sueño. Las actividades de las enzimas antioxidantes (Catalasa, Glutathion Reductasa, SOD, Glutathion Peroxidasa (GPx) y Glutathion-S-transferasa), no se vieron afectadas. El período de rebote tuvo efectos diferentes sobre las actividades enzimáticas estudiadas. Podemos concluir que la privación de sueño induce la actividad de ciertos citocromos P450 pero no altera el estatus oxidativo hepático.

DESCRIPCIÓN DEL CARIOTIPO DE *Liomys irroratus* y *Liomys pictus*.

¹Schiavon N. S., ¹Alvarado V. E., ¹Urbina S. I., ¹Aguilar S. M. A., ²Arellano A. E.,
²González. C. F. y ³Rogers, S.D.

¹Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa., ²Universidad Autónoma del Estado de Morelos., ³ Department of Zoology, Brigham Young University.

pirmar@yahoo.com.mx

El género *Liomys* incluye cinco especies conocidas hasta ahora (Dowler y Genoways, 1978), de las cuales cuatro, *L. irroratus*, *L. pictus*, *L. salvini* y *L. spectabilis*, se encuentran distribuidas en México.

De *Liomys irroratus* se ha descrito un cariotipo de la población de Texas con $2n=60$, $NF=62$, un par metacéntrico, un submetacéntrico, 27 acrocéntricos, el X es metacéntrico grande y el Y un metacéntrico mediano; de *Liomys pictus* se ha descrito un cariotipo para poblaciones de Sinaloa y Nayarit, el cual presenta un $2n=48$, $NF=66$ con 5 pares metacéntricos, 5 submetacéntricos 13 acrocéntricos, el X es metacéntrico grande y el Y es metacéntrico mediano (Genoways, 1973).

El objetivo de este trabajo es describir el cariotipo de *L. irroratus* de una población de Pátzcuaro, Michoacán y de *L. pictus* de una población de Concepción, Guerrero. Se colectaron dos individuos de cada una de las especies, se obtuvieron los cromosomas de la médula ósea con base en la técnica propuesta por Baker (2003); se tiñeron convencionalmente empleando colorante de Giemsa, se analizaron 25 mitosis por individuo para obtener el número modal y determinar así el número cromosómico de esta especie. Posteriormente se elaboró el cariotipo siguiendo el criterio de clasificación cromosómica de Patton (1967).

Para *L. irroratus* se encontró un cariotipo con $2n=52$ el cual difiere en el número diploide del descrito para la población de Texas y de *L. pictus* con $2n=48$, $NF=60$, con 7 pares birrámeos, 16 monorrámeos, el X submetacéntrico grande y el Y submetacéntrico mediano el cual difiere del descrito en las poblaciones de Sinaloa y Nayarit en el número fundamental.

En este trabajo se describe un nuevo citotipo para *Liomys irroratus* y otro para *Liomys pictus*.

ESTUDIO CITOTAXONÓMICO DE *Reithrodontomys megalotis*.

¹Urbina S. I., ¹Aguilar S. M. A., ²Arellano A. E., ²González. C. F. y ³Rogers, S.D.

¹Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa., ²Universidad Autónoma del Estado de Morelos., ³ Department of Zoology, Brigham Young University.

pirmar@yahoo.com.mx

Es *Reithrodontomys megalotis* un roedor que se distribuye de manera abundante desde el suroeste de Canadá hasta el este de California y el sur de México. Su presencia es frecuente predominantemente en áreas abiertas del bosque y en zonas de cultivo. Habita en ambientes muy variados como desiertos, bosques de pino encino y bosque mesófilo de montaña, cubriendo un rango altitudinal entre 77 y 4000 msnm.

De esta especie existen dieciséis razas geográficas de las cuales cinco se distribuyen en las montañas de México, *megalotis*, *saturatus*, *alticolus*, *zacatecae* y *amoles*.

El objetivo de este trabajo fue realizar un análisis citogenético y cladístico basado en caracteres cromosómicos de esta especie.

Los resultados muestran que en *R. megalotis* hay variabilidad en los números diploides, la morfología y la presencia de cromosomas B. Esta variabilidad se ha registrado entre las poblaciones y dentro de ellas mismas.

Del análisis cladístico se desprende que, a pesar de la variabilidad observada, todas las poblaciones siguen perteneciendo a la misma especie, *R. megalotis*. Empero, es probable que se encuentre en un proceso de diversificación debido principalmente a la perturbación del hábitat producto de la fragmentación del bosque mesófilo de montaña.

CROMOSOMAS DEL RATÓN DE ABAZONES *Liomys irroratus* DE SAN SALVADOR ATOYATEMPAN, PUEBLA

González-Monroy RM, Serrano-Gómez FJP, Martínez-Vázquez J.
Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Laboratorio de Mastozoología,
jesusmartinez90@hotmail.com

La descripción de los cromosomas se basa en su morfología, número y tamaño, que dan lugar al cariotipo, el cual es estudiado por la citogenética que permite observar la transmisión recombinación de genes, segregación cromosómica y sus aberraciones. Cada cariotipo es un rasgo característico de cada especie, los estudios citogenéticos permiten interpretar los cambios evolutivos que ha sufrido el material genético además de que puede proporcionar información significativa sobre su taxonomía. El objetivo de este estudio fue describir los cromosomas del ratón de abazones *Liomys irroratus* de San Salvador Atoyatempan, Puebla. Se utilizó la técnica convencional de extracción de médula ósea, obteniendo laminillas las cuales fueron teñidas con Giemsa para elaborar el cariotipo convencional. Los resultados indican que el ratón de campo presentó un número cromosómico ($2n$) de 60 y un número fundamental (NF) de 62. De los 29 pares de autosomas, dos pares fueron submetacéntricos, y 27 pares fueron telocéntricos, ambas divisiones agrupadas por su tamaño de mayor a menor. Se encontró que el cromosoma "X" fue submetacéntrico grande, el cromosoma sexual "Y" fue telocéntrico grande.

ANÁLISIS CROMOSÓMICO DE *Peromyscus melanophrys* DE SAN JOSÉ GUERRERO, SAN JUAN ATENCO, PUEBLA

Martínez-Vázquez J, Martínez-Jiménez CE, González-Monroy RM.
Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Laboratorio de Mastozoología,
jesusmartinez90@hotmail.com

El cariotipo es el ordenamiento de los cromosomas de acuerdo con su tamaño y localización del centrómero. Nos permite observar diferencias cromosómicas que generalmente se reflejan en el contenido génico de los individuos. El objetivo del presente trabajo fue realizar el análisis cromosómico y el patrón de Bando cromosómico G de *Peromyscus melanophrys* de San José Guerrero perteneciente al Municipio de San Juan Atenco, Puebla. El método utilizado para la captura de los ejemplares fue la colocación de trampas tipo "Sherman". Para obtener el cariotipo de los roedores se utilizó la técnica convencional de extracción de médula ósea y para las bandas cromosómicas G se empleó la solución de Tripsina a 0.025%. Los resultados mostraron que *Peromyscus melanophrys* presenta un número diploide ($2n$) de 48 y un número fundamental (NF) de 52, los pares autosómicos corresponden a tres pares subtelocéntricos y 20 pares acrocéntricos. El par sexual presenta un cromosoma X subtelocéntrico mediano y el Y es metacéntrico de tamaño pequeño. Las bandas cromosómicas G, en los autosomas grandes se presentan de cuatro a cinco bandas, en los medianos tres bandas y en los autosomas pequeños se observan de una a dos bandas de eucromatina. El cromosoma X presenta cinco bandas y el Y presenta dos.

Comparando los resultados obtenidos en las constantes cromosómicas (2n y NF) con los resultados de Huehuetlán en Puebla estas coinciden y la disimilitud corresponde a un par autosómico, es decir, en el presente estudio fue subtelocéntrico y en la localidad de Huehuetlán fue submetacéntrico, así mismo en la morfología de los cromosomas sexuales.

DISEÑO DE UNA ESCALA HEDÓNICA BASADA EN LAS EXPRESIONES FACIALES Y CORPORALES DE BEBÉS QUE PUDIERA ESTAR RELACIONADA CON EL GEN RECEPTOR hTAS2R38

Herrera-Lee, RG^{a,b}, Verdalet-Guzmán, I^c, Nakano, N^d, Ozimek, L^d, Galindo-Benítez, R^e, Navarrete-Munguía, A^{e,f}, Angulo-Guerrero, JO^b, Silva-Hernández, ER^c

^aFacultad de Nutrición-Xalapa, Universidad Veracruzana, Xalapa, Veracruz. México.

^bInstituto Tecnológico de Veracruz, Veracruz, Veracruz, México. ^cInstituto de Ciencias Básicas, Universidad Veracruzana, Xalapa, Veracruz, México. ^dDepartamento de Agricultura, Alimentos y Ciencias de la Nutrición, Universidad de Alberta, Canadá.

^eHospital Escuela de Ginecología y Obstetricia, Universidad Veracruzana, Xalapa, Veracruz, México. ^fHospital Civil “Dr. Luis F. Nachón”, Xalapa, Veracruz. México. E-mail: roherrera@gmail.com

Las preferencias alimentarias tienen orígenes ambientales y biológicos. Éstos últimos son clasificados como “no genéticos”, “genéticos” y “de predisposición”. La sensibilidad al sabor amargo, en particular, se ha demostrado estar asociada al gen receptor hTAS2R38. La variación de esta sensibilidad puede ser evaluada mediante la feniltiocarbamida (PTC) o el 6-n-propiltiouracilo (PROP), compuestos relacionados con los isotiocianatos, encontrados frecuentemente en vegetales. La PTC y el PROP permiten discriminar a los individuos de acuerdo a su sensibilidad al sabor amargo como “no catadores” (poco o no sensibles), “catadores” (medianamente sensibles) y “supercatadores” (muy sensibles). De esta manera, los supercatadores suelen evitar los alimentos amargos, los cuales poseen compuestos que podrían disminuir la probabilidad del desarrollo de enfermedades como el cáncer. La identificación temprana de esta sensibilidad podría ayudar a trazar estrategias para encaminar las preferencias alimentarias hacia una vida saludable. Sin embargo, la determinación del gen correspondiente es aún una metodología costosa y, el uso de la PTC o el PROP, no puede ser aplicado en bebés debido a la falta de comunicación tanto oral como escrita. Así, el objetivo de este estudio fue el diseñar una escala hedónica (agrado-desagrado) en bebés cuando beben una fórmula infantil basada en sus expresiones faciales y corporales que pudiera estar relacionada con la presencia o ausencia del gen receptor hTAS2R38. Para el desarrollo del estudio, se reclutaron a 30 bebés de entre 4 y 6 meses de edad. A cada bebé se le proporcionaron aleatoriamente dos tipos de fórmulas infantiles. Cada toma fue videofilmada y analizada por 43 observadores pidiéndoles que evaluaran el tiempo que el bebé mantiene el biberón en la boca, las veces que lo rechaza y las conductas que presenta el bebé durante la toma. Los datos de los videos fueron procesados mediante un Análisis Discriminante (AD). El modelo desarrollado sugiere la existencia de una escala no balanceada de tres niveles: a)

expresiones fuertemente negativas, b) débilmente positivas y c) fuertemente positivas. Aunque es probable que los niveles de la escala correspondan a la sensibilidad al sabor amargo y, por consiguiente al gen receptor hTAS2R38, más investigaciones deberían desarrollarse en este sentido.

EVALUACIÓN DE RUPTURAS DE DOBLE BANDA EN EL ADN CAUSADAS POR RADIACIÓN GAMMA EN MUTANTES DE *Escherichia coli* CON DIFERENTES CAPACIDADES DE REPARACIÓN.

Martínez Martínez E. de J. Serment Guerrero J. y Breña Valle M.

Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares. Carretera Federal México-TolucaS/N, Ocoyoacac, Estado de México. jorge.serment@inin.gob.mx

La radiación ionizante puede dañar al material genético, causando rupturas en una o en ambas cadenas, o bien lesiones diversas en las bases. Las rupturas de doble banda (RDB) tienen gran importancia biológica ya que de no eliminarse producen la muerte celular. En *Escherichia coli* este tipo de lesiones se reparan en su mayoría por recombinación homóloga. En el presente trabajo se evalúa la participación de algunos genes de recombinación en la reparación de RDB en mutantes defectuosos en uno o varios de estos genes tratados a diferentes dosis de radiación gamma. Se expusieron mutantes de *E. coli* defectuosos en genes de recombinación a diversas dosis de radiación gamma y se incubaron por diferentes periodos en condiciones ideales. Para evaluar las RDB se utilizó la técnica de electroforesis de campos pulsados. Los resultados muestran la cinética de recuperación para cada cepa (que se expresa en una disminución del porcentaje de fragmentación), lo que refleja la importancia de cada gen en el proceso de reparación de RDB. Después de 60 minutos de incubación, el mutante **recB** muestra sólo un 17% de ADN sin fragmentación mientras que en los defectuosos en **recO**, **recJ** o **xonA** hay alrededor del 90% de ADN sin fragmentación. Cabe resaltar que en los mutantes dobles **recJ/recO** y **recJ/xonA** luego del periodo de incubación sólo se tiene alrededor del 50% de ADN sin fragmentación, lo que en el caso del primero significa un proceso de reparación más lento, mientras que en el del segundo es falta de reparación, como lo confirman sus respectivas curvas de supervivencia.

CARACTERIZACIÓN MOLÉCULAR DE LA REGIÓN ITS DEL BASIDIOMICETO *Amanita muscaria* HOOK. 1797 ASOCIADA EN *Abies religiosa* KUNTH SCHLTDL. ET CHAM. EN EL COFRE DE PEROTE, VERACRUZ.

López-Ramírez F, Ramos-Fernández A, Flores-Estévez N, Noa-Carrazana J.C. jnoa@uv.mx

Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana, Av. de las Culturas Veracruzanas No. 101, Campus para la Cultura, las Artes y el Deporte, Col. Emiliano Zapata, C.P. 91090, Xalapa, Veracruz, México.

El basidiomiceto *Amanita muscaria* Hook 1797 conocido principalmente por su llamativa apariencia y por sus propiedades psicoactivas, es un hongo que posee amplia

distribución geográfica, principalmente en regiones templadas y boreales. Forma asociaciones ectomicorrícicas, con varias especies de árboles, entre ellos *Abies religiosa* Kunth Schltl. Et Cham 1830, presente en México y que se encuentra confinado a sitios de alta montaña. A nivel taxonómico se reportan 4 subespecies y 30 variedades de *A. muscaria*. Revisiones literarias sugieren que esta especie exhibe sustancial variación morfológica incluso en el contenido de toxinas; estudios filogeográficos indican la división de *A. muscaria* en tres clados, Euroasiático, Euroasiático-subalpino y América del norte. Dado que en años anteriores en la Región del Cofre de Perote, Veracruz se ha importado inoculo de hongos ectomicorrícicos para producción de *A. religiosa* surge la incógnita de la procedencia de esta especie, es decir, si es una especie nativa o introducida naturalizada, si exhibe diversidad biogeográfica en México. El objetivo de este proyecto fue caracterizar a nivel molecular la región del ADN nuclear conocida como espacio transcrito interno (ITS por sus siglas en inglés). Se colectaron carpóforos de *A. muscaria* con el fin de generar secuencias de ADN de la región ITS, y caracterizar molecularmente a *A. muscaria* a lo largo del gradiente altitudinal en que ocurre *Abies religiosa* en el Cofre de Perote. Las secuencias obtenidas fueron sometidas a análisis de restricción e identidad molecular para obtener relaciones filogenéticas y de diversidad con otras secuencias de México y el mundo reportadas en la base de datos GenBank. El producto amplificado de 673 pb de la región ITS coincide con alrededor de 100 secuencias reportadas para *A. muscaria* en diferentes regiones del mundo con homologías de 96-99% de identidad. Nuestros resultados nos sugieren que *A. muscaria* en México es diverso y podrían haber al menos 3 clados, 3 en Tlaxcala y uno de ellos asociado a *Abies religiosa* en el Cofre de Perote, Veracruz. Los análisis de restricción enzimática demuestran que la región del ADNr, ITS, posee variabilidad suficiente para establecer relaciones filogenéticas. Se discuten implicaciones y perspectivas de estos resultados.

EFFECTOS DEL ANTIOXIDANTE ALFA TOCOFEROL DURANTE LA NEURULACIÓN EN EMBRIONES DE POLLO

González LB, Escobar JE, Rodríguez-Torres A, Berumen LC, García-Alcocer G. Laboratorio de Biología Celular y Genética, Facultad de Química, Universidad Autónoma de Querétaro. Responsable: leguga@email.com

Introducción: El desarrollo adecuado del sistema nervioso requiere de nutrientes que permitan a las células llevar a cabo procesos rápidos de división celular, las fallas en dicho desarrollo pueden causar anomalías en el recién nacido. Los defectos del tubo neural son un grupo de anomalías congénitas que han sido consideradas, después de las malformaciones cardíacas, como el segundo orden de frecuencia de aparición en recién nacidos. La vitamina E es un nutriente consumido durante el embarazo, su forma soluble es α -tocoferol y se le atribuyen propiedades antioxidantes, sin embargo se ha sugerido que pueden existir reacciones adversas que no han sido estudiadas a fondo. Metodología: En este trabajo se estudió el efecto embriotóxico del α -tocoferol en embriones de pollo, para lo cual se utilizaron huevos fértiles libres de patógenos, que fueron incubados e inoculados con 400, 4,000 y 40,000 UI respectivamente del químico en el estadio 4 y posteriormente se observaron en el estadio 13 de acuerdo a

Hamburguer y Hamilton; en cada experimento se evaluaron y compararon los efectos en los embriones tratados con α -tocoferol y los que no habían recibido tratamiento. Resultados: Las observaciones de las anomalías indicaron diferencia significativa de los grupos tratados comparados con el control. Las anomalías encontradas en orden de frecuencia fueron aplasias y deficiencia en la formación de vesículas cerebrales; también se presentaron resorciones. Conclusiones: Estos hallazgos nos dan información sobre el efecto de la α -tocoferol durante el desarrollo del sistema nervioso, sin embargo es necesario continuar los estudios sobre los efectos embriotóxicos del alfa tocoferol en otros modelos experimentales durante la gestación.

POTENCIAL ANTIMUTAGENICO DEL JUGO DE TUNA SOBRE LOS METABOLITOS DE UN INSECTICIDA Y UNA AMINA AROMÁTICA.

¹Cortés-Eslava J., ³Alvarez D., ¹Gómez-Arroyo S., ²Villalobos-Pietrini R.
jcortes@atmosfera.unam.mx

¹Laboratorio de Citogenética y ²Mutagenesis Ambiental, Centro de Ciencias de la Atmósfera, UNAM, México. ³Escuela Nacional Preparatoria, Plantel 6 Antonio Caso, UNAM.

Introducción La aplicación de plaguicidas para obtener altos rendimientos en la producción de alimentos y fibras fácil, económica y eficientemente trae como consecuencia efectos nocivos para el ambiente y la salud si se hace desmedidamente. Si los sistemas vivos transforman estos agroquímicos, pueden dar lugar a mutágenos o carcinógenos. El Ensayo de Ames detecta agentes químicos que provocan mutaciones, emplea cepas de *Salmonella typhimurium* dependientes de histidina (His⁻). Si se introducen fracciones microsómicas vegetales, este ensayo puede detectar promutágenos, que son inactivos biológicamente, hasta que se metabolizan.

Objetivo Evaluar el potencial antimutagénico del jugo de tuna frente a los metabolitos del insecticida azinfos metílico y de la 4-nitro-*o*-fenilendiamina (NOP) en *S. typhimurium*.

Métodología Para obtener la fracción S10 de *Vicia faba*, se germinó, maceró, homogeneizó, centrifugó y filtró la raíz en amortiguador. El jugo de las tunas se obtuvo con un extractor casero, se centrifugó y filtró manteniéndolo a 4 °C. La cepa TA100 de *S. typhimurium*, se sembró en medio Luria, se agitó constante, en oscuridad y a 37° C durante 16 horas. Se centrifugó a 4000 xg durante 5 min a 4° C y se mantuvo en hielo. En 2 ml de agar de superficie se añadieron concentraciones fijas de NOP y de azinfos metílico, 500 μ l de S10, 100 μ l de suspensión de bacterias, se agitó, se sembró por triplicado en agar mínimo y se incubó 48 h a 37 °C. Se registró la reversión inducida y su disminución por el jugo de tuna.

Resultados y Conclusiones El jugo de tuna redujo significativamente la mutagenicidad inducida por los metabolitos de la NOP (82 %) y del azinfos metílico (46 %). La capacidad metabólica de *Vicia faba* se evidenció por el incremento de la mutagenicidad de ambos agentes químicos. La clorofilina, usada como testigo de redujo la mutagenicidad en un 87.5%. La alta toxicidad del azinfos metílico y la capacidad de la tuna para desintoxicar el medio coinciden con trabajos previos

realizados con otros vegetales. El efecto antimutagénico del extracto de tuna (*Opuntia sp.*) frente a los metabolitos de la NOP y del azinfos metílico se demostró ampliamente.

Sábado 10 de Octubre

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES VI

ESTUDIO DE LA MUERTE CELULAR Y DAÑO GENOTÓXICO INDUCIDOS *IN VITRO* POR UN NUEVO COMPUESTO DE COBRE (Casiopeína Igly)

Uribe LP, Cordero PNE y Roldán RE

Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis de la UNIGEN (Lab. 2, UMIEZ pa.),
FES-Zaragoza, UNAM. México D.F. eliar@servidor.unam.mx

Actualmente en México se sintetizan compuestos con centro metálico de cobre (Cu^{2+}), llamados Casiopeínas agrupados en diferentes familias de las cuales la **Casiopeína Igly** [(4,7-difenil-1,10-fenantrilina)(glicina) Cu(II) nitrato] ha mostrado tener actividades citostática y citotóxica, por lo que pueden representar una alternativa quimioterapéutica para los enfermos de cáncer. Antes de pasar a la fase clínica se hacen pruebas del daño secundario que puede ocasionar, de tal forma que los estudios Toxicológicos son importantes en este sentido, dentro de estos el estudio de la proliferación celular debe incluir el parámetro de muerte celular, que tradicionalmente se divide en dos: necrosis o muerte accidental o espontánea, donde se libera el contenido celular contaminando a células vecinas provocando inflamación; la segunda, apoptosis ó muerte celular programada donde se fragmenta la cromatina nuclear formándose los cuerpos apoptóticos (formados por 180 a 200 pares de bases).

En el presente proyecto se evaluó el índice apoptótico y necrótico, para comprobar la citotoxicidad y citostaticidad del compuesto. Se extraen 10 ml de sangre por punción venosa de individuos clínicamente sanos no fumadores, se separan por gradiente de densidad y se cultivan, a las 44hrs se aplica la **Casiopeína Igly [0.615, 1.23, 2.46 $\mu\text{g/ml}$]**; a las 48 hrs la Citocalasina B [6 $\mu\text{g/ml}$]. A las 72 hrs., se cosechan las células, se elaboran las laminillas y se tiñen con May-Grünwald:Giemsa. Las evaluaciones se realizan tomando en cuenta el porcentaje de células apoptóticas, necróticas, y células polinucleadas. Los resultados muestran que la Casiopeína Igly induce la muerte por **apoptosis** más que por la vía necrótica, en todas las concentraciones; se puede decir que el compuesto es citotóxico y citostático al realizar la prueba del **Índice de Citotoxicidad de División Nuclear (ICDN)**, comparándolo con el testigo negativo. Respecto a la genotoxicidad se valuaron los parámetros de **micronúcleos (MN)** y **puentes nucleoplásmicos (PN)**. Ambos parámetros aumentaron con respecto al testigo negativo y estas diferencias son estadísticamente significativos en todas las concentraciones, con lo concluimos que la Casiopeína Igly también induce genotoxicidad. **Apoiado por PAPIIT IN-221808**

ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Leptonycteris yerbabuenae* (MAMMALIA: CHIRÓPTERA) EN POBLACIONES DEL CENTRO DE MÉXICO.

Ramos-Frías J.¹ Sánchez-Hernández M. C.¹, Rojas-Martínez A.² y Álvarez-Delgadillo A.¹

¹Laboratorio de Genética Evolutiva y Ambiental, ²Laboratorio de Ecología de Poblaciones, ^{1,2}Centro de Investigaciones Biológicas, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Carretera Pachuca-Tulancingo Km 4.5, Mineral de la Reforma, Hidalgo, C.P. 42184. E-mail: tia_chepis@hotmail.com, mcarmen@uaeh.edu.mx

Leptonycteris yerbabuenae es un murciélago nectarívoro y palinófago de amplia distribución en México, relevante en ambientes áridos, donde actúa como polinizador y dispersor de semillas de una gran variedad de plantas. Está considerado como especie migratoria, sin embargo, algunos estudios argumentan la permanencia de los recursos florísticos en el trópico, lo que probablemente originaría movimientos semi-locales de individuos residentes, promovidos por variaciones ecológicas. En este trabajo se analiza la diversidad y estructura genética de *L. yerbabuenae* en poblaciones del centro del país para establecer sus relaciones evolutivas, utilizando marcadores genéticos (cuatro secuencias de microsátélites). Se recolectaron 111 muestras de tejido cutáneo, procedentes de tres refugios del centro de México (dos de los cuales son permanentes, pero con fluctuaciones poblacionales importantes en el año y el tercero es una colonia estacional) y se extrajo el DNA para amplificar los microsátélites seleccionados y visualizarlos en geles de secuenciación teñidos con nitrato de plata. Se utilizó software especializado para determinar los parámetros de polimorfismo, heterocigosidad, riqueza alélica, frecuencia y estructura genética, así como las relaciones de paternidad entre machos y hembras de cada población. Los resultados indican que la variación genética es importante de las poblaciones, con niveles importantes de polimorfismo (se contabilizaron 121 alelos en total) con alelos raros, pero con baja diferenciación entre poblaciones (AMOVA, $F_{st}=0.11317$, $P>0.005$), probablemente derivada de la gran vagilidad de los organismos y del un flujo genético direccional (promovido por los machos). En general se detectó un “superhábit de homocigotos” probablemente como resultado de tales estrategias de apareamiento seleccionado.

EL ABP COMO APOYO Y MEJORA DE LAS HABILIDADES DEL PENSAMIENTO UTILIZANDO EL MODELO BIOLÓGICO *Drosophila melanogaster* EN LA FES – CUAUTITLÁN DE LA UNAM

Hernández-Hernández, J.R.¹, Andrade-Vallejo, A¹. Coria-Juárez, J¹, Revueltas-Miranda M.E², Díaz Barriga-Arceo, S². mvzjesusinv@yahoo.com.mx

¹Colegio de Estudios de Posgrado de la Ciudad de México, ² Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán UNAM.

Es innegable que en la actualidad los docentes necesitan conocer y aplicar estrategias didáctico - pedagógicas pertinentes al contexto donde se desenvuelven los alumnos, el propósito es que éstos desarrollen habilidades, actitudes y destrezas, que les permita

apropiarse de saberes útiles para la vida profesional y prepararlos para la llamada sociedad del conocimiento. Ante esta situación se conformó un grupo de 92 alumnos de la carrera de Químico Farmacéutico Biólogo en la FES - Cuautitlán de la UNAM con el objetivo de valorar la pertinencia del método conocido como Aprendizaje Basado en Problemas (ABP) y evidenciar si los alumnos mejoran sus habilidades del pensamiento a partir del planteamiento de situaciones problemáticas relacionados con temas concernientes al ámbito de la bioquímica, la genética y la toxicología. Para estas actividades se utilizó como mecanismo de intervención el modelo biológico *Drosophila melanogaster*. Se infiere que si el método permite abordar y dar respuesta a problemas científicos desde un punto de vista holista, entonces los alumnos estarán desarrollando habilidades del pensamiento. Amparado en este orden de ideas, se aplicó un test para diagnosticar las habilidades mentales primarias de los alumnos que participaron en esta investigación y se encontró que el 87% de la población tuvo cuando menos el mínimo de estas habilidades para realizar estudios en el nivel superior. Sin embargo, los resultados de la primera situación problemática fincada en la bioética, demostró que estas habilidades no las han integrado de manera conjunta para resolver problemas de naturaleza contextual. Dada esta circunstancia, se necesitó ejercitar habilidades básicas como son la observación, identificación, clasificación y comparación, previo al desarrollo de las siguientes experiencias de ABP. Los resultados recuperados del discurso escrito por los alumnos como respuesta a las situaciones problemáticas planteadas, evidenciaron la creación de puentes cognitivos como es el saber saber, saber hacer, saber ser y saber convivir en sociedad que llevaron a los alumnos a la obtención de conocimientos y mejorar sus habilidades del pensamiento.

SESIÓN DE TRABAJOS ORALES VII

ASOCIACIÓN DE LA RPCA CON LA PRESENCIA DE LAS MUTACIONES LEIDEN Y CAMBRIDGE DEL FACTOR V DE LA COAGULACIÓN EN PACIENTES MEXICANOS CON TROMBOFILIA PRIMARIA.

Hernández-Zamora E¹, Zavala-Hernández C², Martínez-Murillo C^{3,4}, Téllez Gastelum R¹, Arenas-Sordo ML², González-Orozco AE⁵, Reyes-Maldonado E⁵.

¹Servicio de Genética, ²Laboratorio Central de Patología Clínica, INR; ³Unidad de Investigación Médica en Trombosis, Hemostasia y Aterogénesis IMSS; ⁴Clínica de Hemostasia y Trombosis Hospital General de México; ⁵Laboratorio de Citología, Departamento de Morfología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas IPN.

Introducción. El factor V (FV) tiene la capacidad dual de participar como cofactor procoagulante (activo) o anticoagulante (no activado unido a la PCa). El gen para el FV (80 Kb y 25 exones) se localiza en 1q21-q25. En 1993 Dahlbäck describo que en algunos pacientes la PCa era incapaz de prolongar *in vitro* el tiempo de tromboplastina parcial activado (TTPa), como habría de esperarse, sin embargo el plasma de estos pacientes era “resistente” a la acción de la PCa. Bertina en 1994 describió la mutación G1691A (FV Leiden) y en 1998 Williamson describe otra mutación, la G1019C (FV

Cambridge); ambas mutaciones inducen lo que se ha denominado resistencia a la proteína C activada (RPCA). Se puede detectar la presencia o ausencia de estas mutaciones mediante enzimas de restricción, sondas alelo específicas, PCR en tiempo real o secuenciación directa del fragmento de PCR amplificado.

Se sabe que estas alteraciones, las mutaciones Leiden y Cambridge del FV, y la RPCA son alteraciones que causan trombosis venosa y arterial.

Objetivo. Determinar si la RPCA está asociada con la presencia de la mutación Leiden y Cambridge del Factor V de la coagulación, así como determinar si la frecuencia de estas mutaciones y la RPCA en la población mestiza mexicana son diferentes a lo informado en la población caucásica.

Material y métodos. Se incluyeron 150 pacientes mexicanos con trombofilia primaria y 100 sujetos sanos. Se determinó la RPCA empleando método comercial y los genotipos: FV Leiden y FV Cambridge mediante PCR-RFLPs.

Resultados. La RPCA fue positiva en cuatro pacientes y en un individuo control; sin embargo, no se encontró la presencia de las mutaciones Leiden ni Cambridge del factor V de la coagulación en la población estudiada y por consiguiente la RPCA no correlacionó con la presencia de estas mutaciones.

Conclusión. Estos resultados indican que existen otras causas primarias o secundarias, diferentes a las estudiadas, que condicionan la presencia de RPCA positiva. Además, la frecuencia obtenida para la RPCA, en nuestra población trombofílica mestiza Mexicana es menor comparada con la obtenida en población caucásica, muy probablemente por tratarse de poblaciones genéticamente diferentes.

CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE GENES REQUERIDOS PARA LA RESISTENCIA A NÍQUEL EN *Rhizobium etli* CFN42

Cubillas C.A. y García-de los Santos A.

Centro de Ciencias Genómicas, UNAM, Apdo. postal 565-A, Cuernavaca, Mor., México.
alex@ccg.unam.mx

Metales pesados como Hierro, Cobre y Zinc son cofactores en metaloproteínas. En exceso, metales como el Cadmio, el Níquel y el Cobalto promueven mutaciones en el DNA, por ejemplo, inhibiendo al sistema de reparación de mismatches. La defensa celular al estrés que generan depende esencialmente de proteínas de expulsión de cationes (facilitadoras de expulsión de cationes [CDF], ATPasas Tipo P y de Resistencia-Nodulación y División [RND]) las cuales transportan el excedente fuera del citoplasma rescatando a la célula de sus efectos tóxicos.

En las secuencias genómicas de rhizobia han sido anotados diversos genes que codifican para proteínas putativas de expulsión de cationes, pero sólo cuatro de ellos han sido analizados: *actP* en *R. leguminosarum* para resistencia a Cu, *smc04128* en *Sinorhizobium meliloti* para resistencia a Cd y Zn, *cnrA* y *nreB* en *Bradyrhizobium japonicum* para resistencia a Ni y Co.

R. etli CFN42 tiene seis plásmidos (p42a-p42f) que desempeñan funciones tanto en vida libre como en simbiosis. Estudiando el papel de estos plásmidos en la resistencia a metales identificamos que una mutante derivada de la CFN42 (CFNX185), carente de

210kb del plásmido p42e (505kb) fue sensible a 100 μ M de Níquel y a 150 μ M de Cobalto. La secuencia de nucleótidos de los 210kb ausentes predice la existencia de un gene codificante para una proteína de expulsión de Co/Zn/Cd, perteneciente a la familia CDF: RHE_PE00218. Para confirmar las funciones predichas de este gene analizamos el fenotipo de una cepa mutante en tal gene. Inesperadamente, la mutante fue tan resistente a Co y Zn como la cepa silvestre. Además, un fragmento de DNA de 25kb conteniendo el gene RHE_PE00218 completo fue incapaz de restaurar la resistencia a Co en la mutante CFNX185. Sorprendentemente, la cepa mutante en el gene RHE_PE00218 fue muy sensible a Ni; esto fue totalmente inesperado ya que usualmente las proteínas CDF transportan Co, Zn, Cd, Fe y Mn pero no Ni. La introducción del plásmido pCAC, el cual contiene al gene RHE_PE00218 completo, en la cepa CFNX185, restauró su resistencia a Ni. Estos resultados demuestran que el gene RHE_PE00218 codifica para una proteína requerida en la resistencia a Ni.

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE *PLATANUS* L. MEDIANTE EL ANÁLISIS COMPARATIVO DEL ESPACIADOR INTERNO TRANSCRITO ITS 1.

Lozada-García J.A.¹, Fernández M.S.¹, Vázquez-Torres M.S.², De Castro O.³, De Luca P.³

¹Facultad de Biología y ²Centro de Investigaciones Tropicales, Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria. C.P. 91000, Xalapa, Ver. ³Orto Botanico, Dip. Delle Scienze Biologiche Sez. Biologia Vegetale, Università degli Studi di Napoli "Federico II". Napoli, Italy. alozada@uv.mx.

Las especies reconocidas del género *Platanus* L. han sido ejemplo de especies alopátricas, prácticamente sin barreras de hibridación; con escasas zonas de contacto en su distribución geográfica debido a lo restringido de su hábitat. La hibridación interespecífica entre estos majestuosos árboles se ha reconocido en condiciones artificiales y de cultivo entre *P. orientalis* y *P. occidentalis*, y en el centro de México se ha reportado una zona natural de hibridación entre *P. rzedowskii* y *P. mexicana*. El objetivo del presente estudio fue identificar híbridos interespecíficos de *Platanus* L. mediante el análisis comparativo de secuencias del primer espaciador interno transcrito (ITS1) del ADNr. Para ello se analizaron las secuencias de *P. x hibrida*, *P. x hispanica*, *P. x acerifolia*, *P. occidentalis*, *P. orientalis*, *P. rzedowskii* x *P. mexicana*, *P. rzedowskii* y *P. mexicana*, para lo cual se identificaron posiciones que mostraron heterocigocidad en la secuencia y además las especies parentales mostraron diferencia correspondiente a la heterocigocidad en la misma posición. A excepción de *P. mexicana* con 292 pb, todas las secuencias tuvieron una longitud de 291 pb. El alineamiento de secuencias de *P. orientalis* y *P. occidentalis*, presentó diferencia en 11 posiciones a saber 54, 91, 98, 100, 105, 118, 119, 158, 172, 224 y 277 que corresponden a las sustituciones de bases **T-C, T-C, T-A, T-C, T-C, C-T, A-G, T-C, A-C, A-G** y **G-A** respectivamente, en las mismas posiciones *P. x hibrida* presentó **Y, Y, W, Y, Y, Y, R, Y, M, A** y **R** y *P. x acerifolia*

Y, T, W, Y, Y, Y, R, T, M, A y G. Respecto al alineamiento entre *P. rzedowskii* y *P. mexicana* presentó diferencia en 2 sustituciones de bases en las posiciones 105 y 119 que corresponden a **C-T** y **G-A** respectivamente, en las mismas posiciones *P. rzedowskii* x *P. mexicana* presentó **Y** y **R**. Como se ha demostrado, el análisis de secuencias ITS 1 puede ser una herramienta útil para determinar el estatus híbrido y la correcta identificación de líneas parentales en las especies estudiadas.

A

Acosta I, 15
Aguilar G., C, 11
Aguilar S. M. A., 20, 21, 22, 56, 57, 72, 73
Aguilar-González C. N., 9, 11
Alcántara M A, 47
Alonso-Rodríguez C, 22, 23
Altamirano-Bautista A., 17
Altamirano-Lozano M., 17, 59, 68
Alvarado V. E., 22, 72
Alvarado V.E., 56
Álvarez D., 78
Álvarez-Delgadillo A., 39, 80
Alvarez-Gonzalez, I., 65
Andrade-Vallejo, A, 80
Araujo-Hernández HP, 5
Arcega, A. M, 55
Arellano A. E., 21, 22, 72, 73
Arenas-Sordo ML, 60, 81

B

Barajas C, 18
Berumen LC, 77
Betancourt M, 47
Bojórquez RG, 13, 24, 54
Borrego JA, 20
Breña Valle M., 76
Bueno-Martínez J, 5

C

Camacho-Carranza R, 4, 17, 18, 19, 64, 71, 72
Camarena-Rosales F, 41
Camargo-Sánchez A.O., 17
Campos-Peña V, 48
Cárdenas JF, 15
Cardenas N, 64
Cariño-Cortes R, 63
Carpizo-Ituarte EJ, 52
Castañeda-Partida L, 6, 8
Castañeda-Sortibrán A.N., 8
Castillo-Méndez M.A., 16
Cervantes E, 62
Cevallos M.A., 43

Ch

Chávez CE., 40

C

Coballase-Urrutia E, 64, 72
Contreras-Esquivel JC, 15
Cordero PNE, 49, 79
Coria-Juárez, J, 80
Corona L, 53

Cortés E., 49, 61
Cortés-Eslava J., 58, 64, 78
Cruz Requena M, 11
Cubillas C.A., 82

D

Dávalos de la Cruz K.V., 56, 57
De Castro O., 83
De Luca P, 83
Díaz Barriga-Arceo, S, 80
Díaz Mendez R., 1
Díaz-Fleischer F, 10
Dueñas-García IE, 6, 8
Durán-Díaz A, 6

E

Enciso-Gallegos NE, 22, 23
Escobar JE, 77
Escobar-Saucedo M, 11
Espinosa Aguirre JJ, 19
Espinosa-Aguirre JJ, 4, 17, 18, 64, 65, 71, 72

F

Felipe RM, 68
Félix-Durán F, 13
Fernández M.S., 83
Fernández MS, 67
Flores-Estévez N, 10, 76
Flores-Estévez N., 10
Flores-Gallegos AC, 15
Flores-Márquez A.R., 58
Flores-Torres, M, 65
Fragoso-Antonio S, 63
Frontana-Urbe BA, 4

G

Galindo-Benítez R, 75
García M, 25
García M.V, 25
García NE, 55
García-Alcocer G., 77
García-de los Santos A, 82
García-Fajardo LV, 5
García-Melo LF, 66
García-Mena J, 5
García-Rodríguez M. C., 59
García-Segura L, 63
García-Zamora P.B., 17
Gaytán J.C., 55
Gómez Olivares J.L., 51
Gómez R, 48
Gómez-Arroyo S., 58, 64, 78
Gómez-Luna JC, 6
Gómez-Ramírez M, 5
González EG, 18
González LB, 77

González. C. F., 21, 22, 73
González. C. F., 72
González-Lozano CP, 52
González-Márquez H., 47, 49
González-Monroy RM, 22, 23, 74
González-Orozco AE, 81
Gordillo, M, A, 55
Graniel J, 62
Guarneros G, 5, 16
Guarneros-Peña G, 5
Gutierrez-Alvarado Y.C., 9
Guzmán J, 35

H

Hawa E, 9
Heres-Pulido ME, 6, 8
Hernández- Bernal BR, 50
Hernández-Ceruelos A, 66
Hernández-Hernández, J.R, 80
Hernández-Meza R, 17
Hernández-Ojeda SL, 4, 17, 19
Hernández-Sánchez J, 16
Hernández-Zamora E, 60, 81
Herrera-Lee, RG, 75
Huerta B, 64

J

Jacinto-Loeza E, 16
Juárez R, 47
Juárez S. L, 55
Jullian-Montañez AG, 41

K

Kaji A, 5
Kaji H, 5
Konigsberg M, 62

L

León-Avila G, 5
Limón Salvador F, 14
Loeza-Calixto G, 23
López Guerrero M., 1
López López A, 1
López-O., G., 20
López-Ramírez F, 76
López-Torres D, 61
Lozada-García J.A, 83

M

Macedo-Evaristo C., 59
Madrigal-Bujaidar, E., 65
Madrigal-Santillán E, 63, 66
Magos-Castro M.A., 5
Malo EA, 42
Malo-Rivera E. A., 10
Márquez C, 26

Martínez J, 1, 12
Martínez MA, 24
Martínez Martínez E. de J., 76
Martínez R, 64
Martínez-Jiménez CE, 74
Martínez-Murillo C, 60, 81
Martínez-Rodríguez L, 63
Martínez-Romero E, 1
Martínez-Vázquez J, 22, 23, 74
Martínez-Vázquez J., 74
Mauricio RM, 54
Medina-Jiménez K, 10
Meléndez-Rentería NP, 11
Melo A, 66
Mena-Barranco F, 48
Mena-Montes B, 48
Meraz Rios MA, 48
Mojica, R., 65
Monks, S. W., 55
Montero-Ruíz O, 47
Mora J, 1
Morales R, 64
Morales-González JA, 63, 66
Morán J, 71
Muñoz-Hernández A, 50, 70
Muñoz-Moya JA, 50
Muñoz-OcoteroV, 69

N

Nakano N, 75
Navarrete-Munguía A, 75
Nava-Vargas LA, 53
Nevárez-Moorillón GV, 11
Noa- Carrazana J. C., 10
Noa-Carrazana J.C, 76

O

Ojeda Z. P.M., 64
Olguin-Reyes S.R, 65
Olivares-Bañuelos TN, 52
Olvera O, 35
Ordaz-Téllez M.G., 8
Ordaz-Téllez MG, 69
Ormeño E., 1
Ortiz R., 49, 61, 62
Ozimek L, 75

P

Palmeros-Sánchez B, 67
Palomino G, 2, 12, 31, 34
Pedraza-Chaverri J, 64
Peña-Preciado I, 66
Peraza-Vega RI, 69
Pereyra-Mejía P., 59
Pérez-Vera P, 47
Piña BMC, 57
Piña-Barba M.C., 56
Piña-Escobedo A, 5

Pizá P, 9
Prospero-García O, 72
Puebla, 23, 24, 74
Pulido, F. G., 55

R

Ramírez-Benitez MC, 67
Ramos-Fernández A, 76
Ramos-Frías J., 80
Ramos-Morales P, 42, 50, 70
Rebollar-Vega R, 6
Revueltas-Miranda M.E, 80
Reyes A, 11
Reyes-Maldonado E, 60, 81
Reyes-Valdés H, 9
Ríos-Pérez HA, 42
Rivas RR, 20
Rivas-Martínez H, 50
Rivera-León EA, 67
Rodarte-Murguía B, 8
Rodeiro, I, 17
Rodríguez, 4, 46, 47
Rodríguez JF, 9
Rodríguez L, 62
Rodríguez MJJ, 68
Rodríguez Sánchez C, 3
Rodríguez-Arnaiz R, 8, 69
Rodríguez-Herrera R, 9, 11, 15
Rodríguez-Torres A, 77
Rogel MA, 1
Rogers S.D., 21, 22, 72, 73
Rojas-Martínez A, 80
Roldán RE, 49, 79
Romero Camarena D, 3
Romero GE, 69
Ronquillo Sánchez M.D, 19
Rosas T., 1
Rosenblueth M., 1
Roth A., 1
Ruiz-Campos G, 41

S

Salamanca-Pinzón G, 4
Salceda VM, 7, 34, 35
Saldívar M. G., 64
Sanchez C, 64
Sánchez TSM, 57
Sánchez-Alarcón J, 51
Sánchez-González A, 39
Sánchez-Hernández M. C, 39, 80
Sánchez-Hernández MC., 40
Santos-Cruz LF, 6
Sayavedra L., 1
Schiavon N. S., 72

Schiavon N.S., 22, 56
Segal-Kischinevzky C, 8
Serment Guerrero J., 76
Serrano-Carbonell N, 72
Serrano-Gómez FJP, 74
Serrano-Núñez G, 63
Silva-Vázquez R, 11
Sodi y Arce D. F., 56
Soto F, 2
Stephano JL, 20

T

Tabita Puebla S., 1
Téllez Gastelum R, 60, 81
Toledo AJ, 42
Toledo I, 1
Torres M, 53
Trejo-Olivares, J., 16

U

Urbina S. I., 20, 21, 22, 72, 73
Uribe LP, 49, 79

V

Valadez-Vega MC, 66
Valencia AC, 71
Valencia-Olvera AC, 72
Valencia-Quintana R., 51
Vázquez A, 9
Vázquez RGA, 55
Vázquez-Torres M.S., 83
Veana-Hernández F, 9
Vega-Contreras V, 6
Vera RN, 24
Verdalet-Guzmán I, 75
Villafán-de la Torre E, 13
Villalobos-Pietrini R., 58, 64, 78
Villaseñor JL, 2
Vivanco-Domínguez S, 5

W

Waliszewski S.M., 51

Z

Zamora-Romo E, 5
Zavala-Hernández C, 60, 81
Zecua LM, 20
Zepeda C.S, 25
Zepeda CSC, 42