

REVista INTERNacional de
CONTAMinación
AMBIEntal

volumen 35, 2019

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

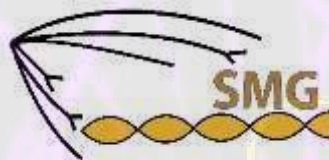
MEMORIAS

CONGRESO INTERNACIONAL DE GENÉTICA DE LA SMG 2019

SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA

Editores

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



DOI: 10.20937/RICA.2019.35.MSMG1

REVista INTERNacional de
CONTAMinación
AMBIEntal

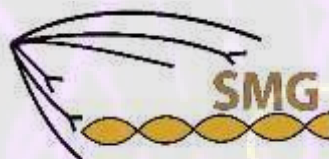
volumen 35, 2019

ISSN – 0188 4999

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

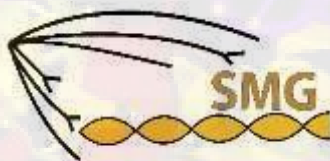
MEMORIAS

CONGRESO INTERNACIONAL DE GENÉTICA 2019



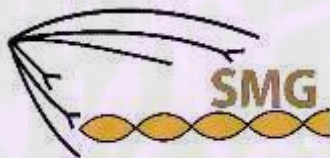
MEMORIAS

CONGRESO INTERNACIONAL DE GENÉTICA DE LA SMG 2019



Índice

	Página
Mesa directiva Sociedad Mexicana de Genética 2017-2019	i
Autoridades del Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria	ii
Comité científico	iii
Comités organizadores	iv
Agradecimientos	vi
Índice de autores	vii
Índice de instituciones participantes	xviii
Índice de trabajos por título	xxv
Resúmenes	1



MESA DIRECTIVA SMG 2017-2019

Dra. Edith Cortés Barberena

Universidad Autónoma Metropolitana - Iztapalapa
Presidente

M En C. Irma Elena Dueñas García

Facultad de Estudios Superiores Iztacala - UNAM
Vicepresidente

M. en C.A. Juana Sánchez Alarcón

Universidad Autónoma de Tlaxcala
Secretaria

Dr. Pedro Rafael Valencia Quintana

Universidad Autónoma de Tlaxcala
Tesorero

Dra. Verónica Loera Castañeda

Instituto Politécnico Nacional CIIDIR Durango
Vocal

Dr. Rodrigo Aníbal Mateos Nava

FES-Zaragoza UNAM
Vocal

Dra. Julieta Castillo Cadena

Universidad Autónoma del Estado de México
Vocal



TECNOLÓGICO
NACIONAL DE MÉXICO



Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria Tamaulipas

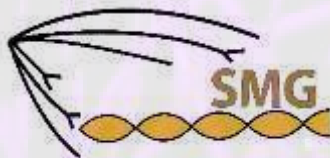
Ing. Fidel Aguillón Hernández
Director

M.A. Gabriela Lotzin Rendón
Subdirectora Académica

Ing. Victor Manuel García Loera
Subdirector de Planeación y Vinculación

Ing. Miguel Ángel Macías Pérez
Subdirector de Servicios Administrativos

Dr. Ausencio Azuara D
División de Estudios de Posgrado e Investigación



COMITÉ CIENTÍFICO

Dra. Edith Cortés Barberena

Universidad Autónoma Metropolitana

PRESIDENTE

M. en C. Juana Sánchez Alarcón

Universidad Autónoma de Tlaxcala

DR. Rafael Valencia Quintana

Universidad Autónoma de Tlaxcala

CA Desnutrición y Citometría de Flujo

UAM-I-12

CA Ambiente y Genética

UATLX-CA-223

M. en C. Irma Elena Dueñas

FES-Iztacala UNAM

Dra. Verónica Loera Castañeda

Instituto Politécnico Nacional CIIDR- Durango

Dr. Rodrigo Aníbal Mateos Nava

FES-Iztacala UNAM

Dra. Julieta Castillo Cadena

Universidad Autónoma del Estado de México

COMITÉS ORGANIZADORES

CA Desnutrición y Citometría de Flujo
UAM-I-12

CA Ambiente y Genética
UATLX-CA-223



POR LA
SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA



Dra. Edith Cortés Barberena
Presidente del Comité Organizador

M. EN C.A. JUANA SÁNCHEZ ALARCÓN

Dr. Pedro Rafael Valencia Quintana

DRA. VERÓNICA LOERA CASTAÑEDA

M EN C. IRMA ELENA DUEÑAS GARCÍA

Dra. Julieta Castillo Cadena



TECNOLÓGICO
NACIONAL DE MÉXICO



COMITÉ ORGANIZADOR POR EL Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria

Biól. Mario Alberto González Méndez
Presidente del Comité Organizador

M.A. Gabriela Lotzin Rendón
Subdirectora

Dr. Juan Flores Gracia
División de Estudios de Posgrado e Investigación.

Dra. María de la Luz Vázquez Saucedo
Comisión de Salud Fronteriza
Oficina de Alcance-Tamaulipas



AGRADECIMIENTOS

LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA AGRADECE EL APOYO OTORGADO A

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



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA

UNIDAD IZTAPALAPA

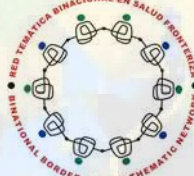
Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria



TECNOLÓGICO
NACIONAL DE MÉXICO



Comisión de Salud Fronteriza México-Estados Unidos



Red Temática Binacional en Salud Fronteriza

**REVista INTERNACIONAL de
CONTAMinación
AMBIEntal**

Estudios Yevco



Índice de autores

AUTORES	PÁGINA
A	
Aguirre Castañeda AL	40
Alcántara-Mejía VA	52
Altamirano-Lozano MA	30, 52, 54, 59
Alvarado-Monroy FM	26
Álvarez-Barrera L	30, 52, 54, 59
Alvarez-González I	12
Ángeles-Espino A	2, 14
Araujo Monsalvo V	12
Azuara-Domínguez A	20
B	
Balderas-Rentería I	26
Barraza García A	19
Batún-Bolaños K	34
Borrego-Soto G	26

Índice de autores

AUTORES	PÁGINA
Brussolo RM	23
Buendía-Pazarán JG	5
C	
Campos-Aguilar M	7, 10, 39
Campos-Peña V	34, 35
Casas-Ávila L	5
Castañeda-Partida L	10, 39
Castañeda-Sortibrán AN	28
Castillo Cadena J	40
Castro-Hernández PA	21
Chen G	26
Cortés-Barberena E	31
Cortés-Eslava J	37, 43, 45
Cortez AM	23
Corzo Burguete GA	24

Índice de autores

AUTORES	PÁGINA
D	
Dávalos de la Cruz KV	4
De Santiago-Domínguez B	7
Delgado-Namorado Y	34
Díaz-Jaimes P	21
Domínguez Hernández V	12
Dueñas-García IE	7, 39
F	
Flores Gracia J	16, 20
Flores-Hernández H	20
Flores-Márquez AR	37, 43, 45
Franco y Bourland R	12
Frías-Jiménez E	59

Índice de autores

AUTORES	PÁGINA
G	
Gálvez-Coutiño C	35
García Hernández R	9
García Nava FI	19
García-Rodríguez MC	31
García-Zavala JJ	33
Gómez-Arroyo S	37, 41
Gómez-Olivares JL	41, 47, 49
González Domínguez CA	17
González-Cortez J	12
González-González B	33
González-Gutiérrez AM	31
Grutter-de la Mora M	37
Guzmán Gallegos IN	19
Guzmán-Reyes DL	30
Guzmán-Solorio E	10

Índice de autores

AUTORES	PÁGINA
H	
Heres-Pulido ME	7, 9, 39
Hernández Serrano M	40
Hernández-Hernández A	43, 45
Hernández-Huerta AN	41, 47
Hernández-Rodríguez M	33
Hernández-Zamora E	5
Hueletl-Soto ME,	47
J	
Jiménez García LP	37
Jiménez-Flores JR	7, 39
Jimenez-Flores R	10
Jurado-Miranda SA	4

Índice de autores

AUTORES	PÁGINA
L	
Lara-Martínez R	37
Lazaruz P	26
Lobato-Ortíz R	33
López-Durán RM	41, 47, 49
Luna Méndez M	12
M	
Madrigal Bujaidar E	12
Mandujano JA	23
Márquez Becerra C	56, 57, 58
Martínez Coria E	12
Martínez Sánchez NL	16
Martínez-Duncker Ramírez I	17
Mateos-Nava RA	30, 52, 54, 59
Medina-González R	26

Índice de autores

AUTORES	PÁGINA
Mejía-Contreras JA	33
Mérida-Cortés PA	37
Miranda Gutiérrez A	9
Mondragón-Lozano R	4
Montenegro Morales LP	40
Montes Santos KNY	40
Montiel-González JMR	43, 45, 49
Mújica Sánchez M	19
Muñoz-Nava H	45
O	
Ocampo-Aguilera NA	52, 54
Ochoa-Ocaña MA	41
Ortiz-López R	26
Ortiz-Muñiz AR	31

Índice de autores

AUTORES	PÁGINA
P	
Paniagua Pérez R	12
Pérez Arriaga E	16
Pérez JY	23
Pérez-Flores GA	51
Pérez-Páramo YX	26
Pichardo-Bahena R	12
Pichardo-Rojas P	35
Piedra Ibarra E	39
Pimienta-Barrios E	2, 14
Ponciano-Gomez JA	7, 10, 39
Posadas-Valay R	26
R	
Ramos G	34, 35
Reyes BDL	23

Índice de autores

AUTORES	PÁGINA
Reyes Cerón A	47
Reyes-Maldonado E	5
Reyes-Morales PS	51
Robles-Sánchez R	14
Rodríguez García IE	16
Rodríguez- Mercado JJ	52
Rodríguez-Arnaiz R	28
Rodríguez-Guzmán E	2, 14
Rodríguez-Mercado JJ	30, 54, 59
Rodríguez-Olivares A	5
Rojas-Martínez A	26
S	
Salceda Sacanelles VM	1
Salgado-Ceballos H	4
Salinas-Marín R	17
Sánchez-Alarcón J	41, 43, 45, 47, 49, 51,

Índice de autores

AUTORES	PÁGINA
Sánchez-Torres S	4
Santos-Cruz LF	10, 39
Santos-Guzmán J	26
Santuario-Facio SK	26
Segundo Olvera CT	40
Sigrist-Flores SC	7, 10, 39
Suárez-Sánchez J	43
T	
Ticante Carrizales AGP	24
Toral-Rios D	34, 35
Tostado-Span A	2
U	
Uribe Alcocer M	21
Urióstegui Acosta MO	49

Índice de autores

AUTORES	PÁGINA
V	
Valdés-Flores M	5
Valencia-Ayala DH	47, 49
Valencia-Quintana R	37, 41, 43, 45, 47, 49, 51,
Valle-Mendiola A	59
Vázquez-López HG	28
Z	
Zavala-Hernández C	5

Índice de instituciones participantes

DEPENDENCIA

PÁGINA

C

CA UATLX-CA-223 Ambiente y Genética, UATx, Tlaxcala	37, 41, 43, 45, 47, 49, 51
Centro de Investigación y de Estudios Avanzados, Departamento de Fisiología Biofísica y Neurociencias, IPN, CDMX	34, 35
Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), CDMX, México	33
Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, Jalisco	2, 14
Centro Universitario de la Salud, Facultad de Medicina, Universidad Autónoma de Nuevo León, Monterrey	26
Centro de Investigación y Desarrollo en Ciencias de la Sa lud, Universidad Autónoma de Nuevo León, Monterrey	26
Clínica Multidisciplinaria de Salud, Universidad Autónoma del Estado de México	40
Colegio de Postgraduados, Genética, Campus Montecillo, Estado de México	33

D

Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología. Universidad Nacional Autónoma de México, CDMX	24
--	-----------

Índice de instituciones participantes

DEPENDENCIA	PÁGINA
Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, Estado de México	1
Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana- Iztapalapa, CDMX	41, 47, 49
Departamento de Ecología Molecular, Laboratorio de Genética de Organismos Acuáticos, Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, UNAM, CDMX	21
Departamento de Morfología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, CDMX.	5
Department of Pharmaceutical Sciences, College of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences, Washington State University, Washington, USA	26
División de Estudios de Posgrado e Investigación, Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria, Tamaulipas.	20
E	
Escuela de Agronomía, Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey, Campus Querétaro	2
Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Tecnológico de Monterrey, Monterrey	26
Escuela Superior de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma de Guerrero, Guerrero	49

Índice de instituciones participantes

DEPENDENCIA

PÁGINA

F

Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, Monterrey	26
Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Baja California, BC	56, 57, 58
Facultad de Química, Universidad Autónoma del Estado de México	40
Facultad de Química, Universidad Nacional Autónoma de México, CDMX	34
FES Zaragoza, UNAM, CDMX	59

I

Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, Manuel Velasco Suárez, Laboratorio Experimental de Enfermedades Neurodegenerativas, CDMX	34, 35
Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria, Tamaulipas	16, 23
Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey, Campus Monterrey, Nuevo León	14

Índice de instituciones participantes

DEPENDENCIA

PÁGINA

L

Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental. Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Tlaxcala	37, 41 43, 45, 47, 49, 51
Laboratorio Central de Patología Clínica, Instituto Nacional de Rehabilitación LGII, CDMX	5
Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa, CDMX, México	31
Laboratorio de Biología Molecular del Laboratorio Estatal de Salud Pública de Tamaulipas	23
Laboratorio de Biotecnología de la División de Estudios de Posgrado e Investigación, Instituto Tecnológico de Cd. Victoria, Tamaulipas	24
Laboratorio de Espectroscopía y Percepción Remota, Centro de Ciencias de la Atmósfera, Universidad Nacional Autónoma de México, CDMX	37
Laboratorio de Fisiología Vegetal, Unidad de Biotecnología y Prototipos, FES Iztacala, UNAM, CDMX	39
Laboratorio de Genética Toxicológica, FES Iztacala, UNAM Estado de México	7, 10, 39
Laboratorio de Genética, Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias, UNAM, CDMX	28
Laboratorio de Genética-ENCB, IPN,, CDMX	12

Índice de instituciones participantes

DEPENDENCIA	PÁGINA
Laboratorio de Genotoxicología y Mutagénesis Ambientales, CCA, UNAM, CDMX	37, 41, 43, 45
Laboratorio de Glicobiología Humana y Diagnóstico Molecular, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Morelos	17
Laboratorio de Inmunología, Unidad de Morfofisiología y Función, FES Iztacala, Estado de México	7, 10
Laboratorio de Inmunología, Unidad de Morfología y Función, FES Iztacala, UNAM, CDMX	39
Laboratorio de Microscopía Electrónica, Edificio Tlahuizcalpan, Facultad de Ciencias, Unam, CDMX	37
Laboratorio de Toxicología Genética FES Iztacala, Estado de México	9
Laboratorio Nacional para la Producción y Análisis de Moléculas y Medicamentos Biotecnológicos, IBT, UNAM, Morelos	17
Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Tlaxcala	43
Licenciatura en Ciencias Ambientales, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Tlaxcala	45

M

Mc Gill Univ., Montreal, Qc, Canada	34, 35
--	---------------

Índice de instituciones participantes

DEPENDENCIA	PÁGINA
P	
Posgrado en Biología Experimental, UAM-Iztapalapa, CDMX, México	31
Posgrado en Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias, UNAM, CDMX	59
R	
Red de Investigación sobre la Cuenca del Río Balsas, BUAP, Puebla	43, 45
Red Temática Gestión de la calidad y disponibilidad del Agua, CONACyT-México, ITIM, Puebla	43, 45
Red Temática Toxicología de Plaguicidas CONACyT-UA Nayarit, Nayarit	41, 47, 49
S	
Servicio de Anatomía Patológica, INRLGII, CDMX	12
Servicio de Biomecánica, INRLGII, CDMX	12
Servicio de Bioquímica, INRLGII, , CDMX	12

Índice de instituciones participantes

DEPENDENCIA	PÁGINA
Servicio de Genética, Instituto Nacional de Rehabilitación LGII, CDMX.	5
Servicio de Genética. Hospital Infantil de Tamaulipas, Victoria, Tamaulipas	19
Servicio de Tomografía Computada, INRLGII, CDMX	12
U	
Unidad Académica de Estudios Regionales, Coordinación de Humanidades, UNAM, Michoacán	41
Unidad de Genética, Unigen, Universidad Autónoma del Estado de México	40
Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN), UMIEZ, FES-Zaragoza, UNAM, CDMX	30, 31, 52, 54
Unidad Médica de Investigación en Enfermedades Neurológicas, Centro Médico Nacional Siglo XXI del IMSS, CDMX	4
Universidad Autónoma de Baja California	35
Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa (UAMI)	4, 34, 35
Universidad Milenium	40

Índice de trabajos por título

TÍTULO	PÁGINA
A	
A 50 AÑOS DE LAS BANDAS EN CROMOSOMAS METAFÁSICOS: CASPERSSON Y LAS BANDAS Q	58
ANÁLISIS DE LAS TENDENCIAS EN TOXICOLOGÍA GENÉTICA EN LOS ÚLTIMOS CONGRESOS DE LA SMG AC	9
ATRX, UNA MOLÉCULA VITAL Y DIVERGENTE DENTRO DE ALGUNOS ÓRDENES DE LA CLASE INSECTA	28
C	
CAMBIOS CELULARES INDICATIVOS DE APOPTOSIS, INDUCIDOS POR CONTAMINANTES ATMOSFÉRICOS DEL VALLE DE MÉXICO EN <i>Gnaphalium lavandulifolium</i>	37
CARACTERIZACIÓN BIOQUÍMICA DEL EXTRACTO DE GLÁNDULAS VENENOSAS DE UNA ESPECIE DE ARAÑA VIOLINISTA, <i>LOXOSCELES DEVIA</i> (GERTSCH Y MULAİK, 1940) DEL NORESTE DE MÉXICO	24
CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA DE MATERIALES DE MAÍZ (<i>Zea mays</i> L.) SOBRESALIENTES DE TEMPORAL Y SU RELACION CON EL RENDIMIENTO DE GRANO	33

Índice de trabajos por título

TÍTULO	PÁGINA
D	
DAÑO AL ADN, POR EXPOSICIÓN LABORAL A PLAGUICIDAS EN LOS REYES MICHOACÁN, MÉXICO	41
DETECCIÓN DE <i>Brucella</i> spp. EN LÁCTEOS Y DERIVADOS MEDIANTE PCR EN TIEMPO REAL EN TAMAULIPAS, MÉXICO	23
DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE <i>Anaplasma marginale</i> (THEILER) EN BOVINOS Y CANINOS DEL ESTADO DE TAMAULIPAS, MÉXICO	16
E	
EFFECTO CITOTÓXICO DEL POLIPIRROL YODO (PPY/I) EN CULTIVO DE LINFOCITOS HUMANOS	4
EFFECTO DE LA ADMINISTRACIÓN DEL PENTÓXIDO DE VANADIO (V ₂ O ₅) SOBRE LOS NIVELES DE LAS PROTEÍNAS CHK1 Y CHK2 DE LOS LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS <i>IN VITRO</i> Y SU REPERCUSIÓN SOBRE LAS FASES DEL CICLO CELULAR	59
EFFECTO DEL TRICLORURO DE VANADIO SOBRE LOS NIVELES DE EXPRESIÓN DE LAS PROTEÍNAS p21 Y p53 DE LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS <i>IN VITRO</i>	30
EFFECTOS DE LA EXPOSICIÓN AMBIENTAL A PLAGUICIDAS EN LA COMUNIDAD DE SANTA ANITA EN HUAMANTLA, TLAXCALA	49
EFFECTOS DE LA RADIACIÓN SOBRE LA FECUNDIDAD EN POBLACIONES EXPERIMENTALES DE <i>Drosophila melanogaster</i>	1

Índice de trabajos por título

TÍTULO	PÁGINA
EL TRIÓXIDO DE VANADIO MODIFICA LOS NIVELES DE EXPRESIÓN DEL GEN P53 EN CULTIVOS DE LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS <i>IN VITRO</i>	52
ESTUDIO GENOTÓXICO Y CITOTÓXICO POR EL USO RECREATIVO DE LA MARIHUANA	40
EVALUACIÓN DE EROS Y MEROS EN DOS CEPAS DE <i>Drosophila melanogaster</i>	39
EVALUACIÓN DE LA CAPACIDAD GENOTÓXICA DE SEDIMENTOS DEL SISTEMA HIDROLÓGICO ATOYAC-ZAHUAPAN EN TLAXCALA	43
EVALUACIÓN DE LA TOXICIDAD EMBRIONARIA Y FETAL DE RATONES DESCENDIENTES DE HEMBRAS TRATADAS CON VANADIO (V_2O_4)	54
EVALUACIÓN DE POLIMORFISMOS EN GENES RELACIONADOS CON LA DEGRADACIÓN DE AMILOIDE BETA (Ab) EN PACIENTES CON ENFERMEDAD DE ALZHEIMER Y SU RELACIÓN CON APOE4	34
EVALUACIÓN DE POLIMORFISMOS EN LOS GENES GSK3, MAPT, APOE Y HSP COMO POSIBLES MARCADORES DE RIESGO DE EPILEPSIA REFRACTARIA Y ENFERMEDAD DE ALZHEIMER	35
EVALUACIÓN DEL EFECTO DE LA DESNUTRICIÓN SOBRE ATM Y H2AX EN RATAS LACTANTES	31
EVALUACIÓN DEL VIGOR HÍBRIDO EN CRUZAS SIMPLES DE GIRASOL (<i>Helianthus annuus</i> L) CON LÍNEAS S ₁ DE BAJO CONTENIDO DE ACEITE	2
EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES EN CEREBRO DE <i>Drosophila melanogaster</i>	10

Índice de trabajos por título

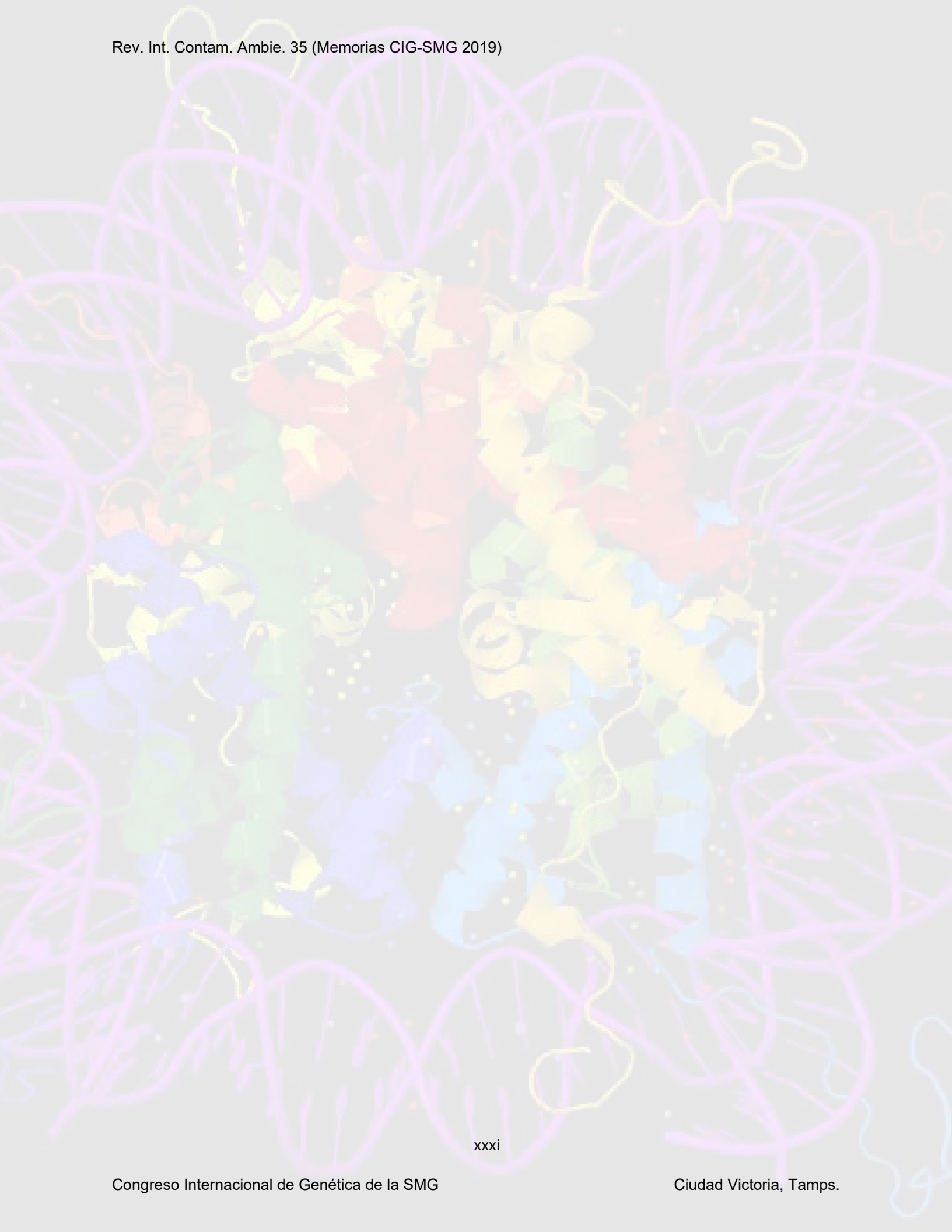
TÍTULO	PÁGINA
F	
FRECUENCIA DE ANOMALÍAS CROMOSÓMICAS EN PACIENTES DEL HOSPITAL INFANTIL DE TAMAULIPAS EN EL PERIODO DE JUNIO A DICIEMBRE DEL 2014	19
FRECUENCIA DE MICRONÚCLEOS Y CONTEO LEUCOCITARIO PARA EVIDENCIAR ESTRÉS POR PERTURBACIÓN AMBIENTAL EN PASSERIFORMES	51
G	
GENOTOXICIDAD INDUCIDA POR AGUAS SUPERFICIALES EN LA CUENCA ALTA DEL SISTEMA HIDROLÓGICO ATOYAC-ZAHUAPAN	45
H	
HONGOS FITOPATÓGENOS ASOCIADOS CON EL DETERIORO DE CÍTRICOS EN LA ZONA CENTRO DE TAMAULIPAS	20

Índice de trabajos por título

TÍTULO	PÁGINA
I	
IDENTIFICACIÓN DE LA MUTACIÓN c.187 C>T EN EL GEN ATP6V0A2 MEDIANTE PCR-ARMS	17
INDUCCIÓN DE MUTANTES CON RAYOS GAMMA Co⁶⁰ EN GERMOPLASMA SEGREGANTE BC₃ DE GIRASOL (<i>Helianthus annuus L</i>) CULTIVADO POR SILVESTRE, Y SU EFECTO EN EL CONTENIDO Y CALIDAD DE ACEITE	14
INDUCCIÓN DE OSTEOSARCOMA Y EFECTOS BIOQUÍMICOS EN RATAS TRATADAS CON BENZOPIRENO	12
M	
MODIFICACIONES EN LOS PROCESOS DE ADHESIÓN CELULAR EN CEREBRO DE <i>Drosophila melanogaster</i> ALIMENTADAS CON UNA DIETA ALTA EN PROTEÍNA Y AZÚCAR	7
O	
OSWALD THEODORE AVERY: DE LAS HUMANIDADES AL DNA	57

Índice de trabajos por título

TÍTULO	PÁGINA
P	
POTENCIAL GENOTÓXICO DE ATRAZINE500^o EN CÉLULAS SANGUÍNEAS DE RATAS WINSTAR	47
R	
RELACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS ASOCIADOS A DEFECTOS EN LA COAGULACIÓN Y SU RELACIÓN CON LA MALFORMACIÓN ÓSEA EN LA ENFERMEDAD DE LEGG-CALVE-PERTHES	5
V	
VARIABILIDAD GENÉTICA DEL GENOMA MITOCONDRIAL DEL ATÚN ALETA AMARILLA <i>Thunnus albacares</i> Y FILOGEOGRAFÍA GLOBAL DE SUS POBLACIONES	21
VARIACIONES EN LAS FLORES Y FRUTOS DE LA PLANTA <i>Brassica rapa</i> DE CICLO CORTO	56
VARIANTES GENÉTICAS EN LOS GENES CYP2A6 Y UGT1A9 ASOCIADOS CON NIVELES DE METABOLITOS URINARIOS DE NICOTINA EN JÓVENES FUMADORES MEXICANOS	26



CIG-SMG 2019-001**EFFECTOS DE LA RADIACIÓN SOBRE LA FECUNDIDAD EN POBLACIONES EXPERIMENTALES DE *Drosophila melanogaster***

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

Se estudió el efecto de la radiación sobre la fecundidad en cuatro poblaciones experimentales de *Drosophila melanogaster*, tres de ellas fueron irradiadas crónicamente a diferentes dosis parciales hasta alcanzar una dosis absorbida total de 1128.06 Grays (Gy), la cuarta población fungió como testigo. Después de un período de recuperación sin radiación se extrajeron un total 1461 segundos cromosomas mediante la técnica CyL/Pm, ampliamente usada en *Drosophila* en experimentos similares; dependiendo de la dosis el número de genes normales, deletéreos y letales varió en cada población y a ellos se refiere este estudio. Los cromosomas se agruparon en libres y portadores de genes letales, así como producidos por mutación inducida o espontánea, estas agrupaciones son la base de las comparaciones hechas mediante la prueba *t* de Student. Para ello se obtuvo la fecundidad promedio de cada población y a partir de ésta se constituyeron categorías de fecundidad. Cada cromosoma fue adscrito a una de ellas, obteniéndose así las frecuencias relativas para cada categoría. En todos los casos en que se compararon cromosomas portadores de genes letales o libres de ellos, las diferencias favorecieron a los libres de letales. En cuanto al efecto debido a la radiación, ésta causó disminución en los valores de fecundidad, cuando fueron comparadas con el testigo. Al fraccionar la fecundidad promedio en categorías no fue posible determinar un patrón de distribución que nos indique cual es el efecto de la radiación y se propone que la causa de ello es que las poblaciones expuestas aún no alcanzaron un equilibrio de recuperación para su estructura genética posterior al daño originado por la radiación y que la mayoría de los genes que están en esta dinámica son de tipo poligénico cuya acción es pleiotrópica y aún están en proceso de ser seleccionados con lo cual se restablecería el equilibrio.

CIG-SMG 2019-002**EVALUACIÓN DEL VIGOR HÍBRIDO EN CRUZAS SIMPLES DE GIRASOL (*Helianthus annuus* L) CON LÍNEAS S₁ DE BAJO CONTENIDO DE ACEITE**

Ángeles-Espino A^{1*}, Tostado-Span A², Rodríguez-Guzmán E¹,
Pimienta-Barrios E¹

¹Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias.
Universidad de Guadalajara, Camino Ramón Padilla Sánchez No. 2100
Nextipac, Zapopan, Jalisco. CP 45100.

²Escuela de Agronomía, Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey,
Campus Querétaro, Epigmenio González No 500 CP 76130,
Santiago de Querétaro, Qro.

*Autor para correspondencia: aangeles1305@gmail.com

Por la superficie sembrada, la resistencia a condiciones adversas y por el contenido y calidad del aceite, el Girasol es la segunda oleaginosa en importancia. Además el 95% de la demanda nacional proviene de la importación de diferentes semillas oleaginosas. La obtención de híbridos de alto rendimiento de aquenio, contenido y calidad de aceite, a partir de líneas tempranas, se justifica por la autoincompatibilidad génica. El experimento se realizó en el Campo Experimental del ITESM-Campus Querétaro en dos ciclos. En el primero se obtuvieron siete híbridos de líneas S₁, mediante cruza simples. En el Segundo se evaluaron, con dos testigos, una variedad de polinización abierta y un híbrido comercial, en un diseño en bloques al azar con tres repeticiones. Los resultados se analizaron mediante ANOVA, Tukey y correlación, así como con regresión lineal. Se evaluaron los días a floración, porte, diámetro de capítulo, peso de aquenio y contenido de aceite. Los resultados de vigor híbrido con respecto al testigo (TECMON-2) presentaron diferentes valores en cada variable. La altura osciló de 6% en HCQ4 a 21% en HCQ7, los días a floración variaron de 8% en HCQ7 a 13% en HCQ1; el peso del aquenio alcanzó un 6% en HCQ7 y 45% en HCQ5; mientras que en contenido de aceite el vigor tuvo un comportamiento progresivo, presentando 17% en HCQ3 y HCQ6, 30% en HCQ2, 44% en HCQ2, 44% en HCQ4 y el mayor porcentaje se tuvo en HCQ1 con 63%. El vigor híbrido se presentó en los componentes del rendimiento (peso de aquenio, días a floración y contenido de aceite). Las regresiones entre los componentes del rendimiento fueron significativas ($r=0.94$), lo que indica que cada híbrido es un genotipo con características propias a partir de las líneas que se crucen. La mayor heterosis se presentó en el peso de aquenio y contenido de aceite, demostrando que la generación

de híbridos, a partir de líneas con bajo contenido de aceite, es una alternativa viable que permite obtener genotipos de alto rendimiento en aquenio y contenido de aceite, de acuerdo a los valores de heterosis que se alcanzaron en estos dos caracteres.

CIG-SMG 2019-003**EFFECTO CITOTÓXICO DEL POLIPIRROL YODO (PPY/I) EN CULTIVO DE LINFOCITOS HUMANOS**

Jurado-Miranda SA¹, Dávalos de la Cruz KV¹, Mondragón-Lozano R², Salgado-Ceballos H, Sánchez-Torres S^{2*}

¹Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa, Av San Rafael Atlixco No.186, Col. Vicentina, C.P. 09340 Del. Iztapalapa CDMX.

²Unidad Médica de Investigación en Enfermedades Neurológicas, Centro Médico Nacional Siglo XXI del Instituto Mexicano del Seguro Social, Av. Cuauhtémoc 330, esquina con Av. Baja California. Col. Doctores. Del. Cuauhtémoc. C.P. 6720, CDMX.

*Autor para correspondencia: Apolo_333@hotmail.es

El polipirrol yodo (PPy/I) es uno de los biomateriales conductores más investigados, posee una buena conductividad eléctrica, alta estabilidad eléctrica y es fácil de sintetizar. Uno de los métodos utilizados, es la síntesis mediada por plasma que no requiere de intermediarios químicos para que ocurra la oxidación. Aunque el PPy/I ha sido empleado como material de soporte para la fabricación de músculos artificiales, para aplicaciones en la ingeniería de tejidos y en el tratamiento experimental de la lesión traumática de médula espinal, no existen reportes sobre el efecto citotóxico que el PPy/I pudiera presentar. Por lo que en este trabajo se determinó la biocompatibilidad del PPy/I en cultivos de linfocitos humanos utilizando como marcadores de toxicidad el índice mitótico, así como la frecuencia de aberraciones cromosómicas (numéricas y estructurales). Se cultivaron linfocitos de 6 donadores adultos sanos, de 25 años de edad promedio (3 hombres y 3 mujeres); de cada uno de ellos se formaron 3 lotes: Control, Vehículo (solución salina) y expuesto a diferentes concentraciones de PPy/I (1:10, 1:100 y 1:1000). Para determinar el índice mitótico se calculó la proporción de células en mitosis en un total de 6000 células por lote/donador; la variación en el número diploide de la especie se determinó a través del número modal de cromosomas presentes en 120 mitosis por lote/donador; la frecuencia de hendiduras (*gaps*) y rompimientos (*breaks*) se calculó con base en los datos registrados en 60 mitosis por lote/donador. No se observaron diferencias significativas (ANOVA de una sola vía seguida de la prueba posthoc Tukey, $p < 0.05$) en el índice mitótico de los cultivos expuestos a PPy/I y los testigos, el número diploide $2n=46$ se conservó, la frecuencia de aberraciones cromosómicas fue la misma en los diferentes lotes. Se concluye que el PPy/I no es citotóxico y se apoya su uso en áreas biológicas.

CIG-SMG 2019-004**RELACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS ASOCIADOS A DEFECTOS EN LA COAGULACIÓN Y SU RELACIÓN CON LA MALFORMACIÓN ÓSEA EN LA ENFERMEDAD DE LEGG-CALVE-PERTHES**

Buendía-Pazarán JG¹, Reyes-Maldonado E¹, Casas-Ávila L²,
Zavala-Hernández C³, Rodríguez-Olivares A², Valdés-Flores M²,
Hernández-Zamora E^{2*}

¹Departamento de Morfología. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas,
Instituto Politécnico Nacional. Prolongación de Carpio y Plan de Ayala S/N
Santo Tomas 11340 CDMX.

²Servicio de Genética y

³Laboratorio Central de Patología Clínica, Instituto Nacional de Rehabilitación LGII
Calzada México Xochimilco 289, Coapa, Arenal, Tepepan 14389 CDMX.

*Autor para correspondencia: edgarhz1969@yahoo.com.mx

La enfermedad de Legg-Calvé-Perthes (ELCP) es una patología pediátrica caracterizada por la necrosis vascular (aséptica) de la cabeza femoral en grado variable y en diferentes fases de reparación. Presenta una prevalencia en la población general de 1/1200 a 1/12000. Suele estar presente en niños entre 2 y 13 años. Su etiología es desconocida, involucra oclusiones vasculares, en las que los trastornos de trombofilia e hipofibrinólisis pueden ser importantes, y para las cuales existen alteraciones moleculares altamente asociadas como lo son los polimorfismos PT rs1799963, MTHFR rs1801133 y CBS rs115742905, presentes en pacientes mexicanos con trombofilia y asociados a patologías cardiovasculares. Se ha propuesto que los polimorfismos asociados a los genes COL2A1 rs121912891 y rs387106558, así como COL1A1 rs1107946 y rs2412298 participan de manera discreta en el desarrollo de la ELCP y densidad mineral ósea respectivamente. Para confirmar los anterior el objetivo del estudio fue analizar la asociación genética de los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP's) relacionados a trombosis, un SNP MTHFR (rs1801133), un SNP PT (rs1799903), un SNP de CBS (rs115742905) y dos SNP's COL1A1 (rs1107946 y 2412298), dos SNP's COL2A1 (rs121912891 y 387106558), con la malformación ósea en la ELCP. Se elaboró un estudio de casos y testigos con 24 pacientes y 48 testigos. La genotipificación se elaboró mediante PCR en tiempo real, se calcularon las frecuencias y el equilibrio Hardy-Weiberg y un análisis multivariable con edad, IMC, peso y talla. En este estudio el SNP MTHFR (rs1801133) mostró tener relación con el desarrollo de la ELCP confirmando así lo dicho por otros autores que relacionan el estado trombótico con dicha

entidad. No así para los polimorfismos en PT, CBS, COL1A1 y COL1A2. Por lo que concluimos que la ELCP está relacionada con mutaciones en la MTHFR y el subsecuente desarrollo del estado protrombótico focalizado, por lo que se deduce que un estado protrombótico no altera el desarrollo natural de la matriz cartilaginosa ni el desarrollo de hueso en la cabeza femoral.

CIG-SMG 2019-006**MODIFICACIONES EN LOS PROCESOS DE ADHESIÓN CELULAR EN CEREBRO DE *Drosophila melanogaster* ALIMENTADAS CON UNA DIETA ALTA EN PROTEÍNA Y AZÚCAR**

De Santiago-Domínguez B¹, Sigríst-Flores SC¹, Ponciano-Gomez JA¹,
Dueñas-García IE², Heres-Pulido ME², Jiménez-Flores JR¹,
Campos-Aguilar M^{1*}

¹Laboratorio de Inmunología, Unidad de Morfofisiología y Función, FES Iztacala,

²Laboratorio de Genética Toxicológica, FES Iztacala, Avenida de los Barrios No 1,
Los Reyes Ixtacala, Tlanepantla, Estado de México, C.P. 54090.

*Autor para correspondencia: myriam.campos@iztacala.unam.mx

Actualmente la creciente globalización e industrialización alimentaria favorecen una sobrerrepresentación en nuestra dieta de alimentos procesados y bebidas carbonatadas que han sido asociados estrechamente con alta incidencia de Síndrome Metabólico (SM) a nivel mundial. El SM comprende un conjunto de factores clínicos y fisiológicos que incrementan el riesgo de mortandad en los individuos mediante el desarrollo de diversas complicaciones y enfermedades. Debido a que es sumamente complejo evaluar alteraciones en la expresión génica, producto de variaciones en la dieta, recientemente se ha optado por el uso de *Drosophila melanogaster* como organismo modelo, ya que posee múltiples características atractivas, siendo la más destacable un porcentaje de homología del 75% en vías metabólicas y en genes relacionados con procesos patogénicos presentes en el humano, que podrían verse alterados durante el desarrollo y progresión del SM, que dada su complejidad ha incentivado la utilización de técnicas de alto rendimiento para su estudio, como el perfilado transcriptómico mediante secuenciación masiva (RNA-seq). En el presente estudio se obtuvieron 13 sets de secuencias de cerebro de *Drosophila melanogaster*, sometidas a dietas altas en proteína/azúcar, a través del repositorio SRA [Jaime et al., 2017 (doi:10.7150/jgen.22393)], una vez obtenidas las secuencias, fueron alineadas al genoma de referencia de *Drosophila melanogaster*, para posteriormente realizar el ensamble, reconstrucción y cuantificación de transcritos, obteniendo 42 genes significativos en cuanto a alteraciones en su expresión mediante un análisis de expresión diferencial utilizando un valor de corte de $p < 0.05$ e identificando 43 vías metabólicas y de señalización en que dichos genes se encuentran implicados mediante un análisis KASS/KEGG. Los resultados obtenidos reflejan que existen alteraciones en la expresión de genes relacionados con procesos implicados en el metabolismo de carbohidratos y ácidos nucleicos, proliferación celular, estrés oxidante, proteólisis, dinámica de citoesqueleto y adhesión celular, resaltando alteraciones de la vía en que participa MLSK, relacionada con múltiples procesos, entre los que destaca un aumento en la adhesión celular a nivel

adyacente y circundante, que favorece una disminución en la permeabilidad celular, relacionada con procesos inflamatorios y diapédesis, que de manera progresiva podrían fomentar el desarrollo de SM y patologías asociadas.

CIG-SMG 2019-008

ANÁLISIS DE LAS TENDENCIAS EN TOXICOLOGÍA GENÉTICA EN LOS ÚLTIMOS CONGRESOS DE LA SMG AC

García Hernández R, Miranda Gutiérrez A, Heres-Pulido ME*

Laboratorio de Toxicología Genética, FES Iztacala Av, de los Barrios 1. 54090
Tlalnepantla de Baz, Estado de México

*Autor para correspondencia: eugeniaheres@hotmail.com

Con la finalidad de conocer la tendencia de los temas de Toxicología Genética presentados durante los Congresos Nacionales de Genética, del año 2006 al 2018, se analizó el contenido de las memorias correspondientes, agrupando la información en dos categorías: técnicas y compuestos. Entre las técnicas para evaluar genotoxicidad destacan tres: la electroforesis en gel de células individuales, la de micronúcleos y la de SMART en ala de *Drosophila melanogaster*; la frecuencia de otras técnicas, como inmunocitoquímica, PCR y citometría de flujo, fue escasa. Entre los compuestos evaluados sobresalen los plaguicidas, los quimioprotectores naturales y los metales. Este análisis indica que los investigadores utilizan una amplia gama de técnicas y que proporcionan información robusta en el área de la Toxicología Genética. Proponemos que la baja frecuencia en el uso de técnicas moleculares podría ser resultado de la falta de accesibilidad a éstas, por el alto costo de la infraestructura y del mantenimiento del equipo. La mayor frecuencia de trabajos con plaguicidas coincide con la preocupación por su uso indiscriminado en nuestro país y su efecto sobre las poblaciones biológicas.

CIG-SMG 2019-009**EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES EN CEREBRO DE *Drosophila melanogaster***Guzmán-Solorio E¹, Ponciano-Gómez JA¹, Sigrist-Flores SC², Jimenez-Flores R², Castañeda-Partida L², Santos-Cruz LF², Campos-Aguilar M^{2*}¹Laboratorio de Inmunología, Unidad de Morfofisiología y Función, FES Iztacala²Laboratorio de Genética Toxicológica, FES Iztacala, Avenida de los Barrios No 1, Los Reyes Iztacala, Tlanepantla, Estado de México, C.P. 54090.

*Autor para correspondencia: myriam.campos@iztacala.unam.mx

El síndrome metabólico comprende una serie de fisiopatologías metabólicas, consideradas como un factor de riesgo para desarrollar diabetes y enfermedades cardiovasculares, que han crecido exponencialmente y se han convertido en un problema de salud pública alrededor del mundo, debido a la industrialización de alimentos procesados con altas concentraciones de lípidos y carbohidratos. El estudio de la dietas en las últimas décadas ha resaltado la importancia de la relación entre la alimentación y la salud, donde se han encontrado como respuestas fenómenos inflamatorios, estrés oxidante, así como otras enfermedades crónico-degenerativas. Se considera que la respuesta a dietas hipercalóricas es diferente en hembras y machos ya que el estrógeno juega un papel protector en las hembras y se cree puede haber diferencias en la expresión de genes asociados a enfermedades respecto a los machos. Actualmente se han implementado estudios con dietas hipercalóricas en ratones y más recientemente en *Drosophila melanogaster*, donde éstas permiten inducir un estado fisiológico similar al que sucede en humanos, debido a que comparten homología genética (75%) y metabólica (85%). Técnicas de secuenciación masiva como el RNAseq se utilizan actualmente como herramientas para estudiar de manera simultánea el transcriptoma. En este trabajo se evaluó la sobreexpresión diferencial de genes de 13 sets de secuencias transcriptómicas en cerebro de *Drosophila melanogaster* alimentadas con una dieta alta en proteína y azúcar, obtenidas del repositorio NCBI [Jaime et al. 2017 (DOI:10.7150 / jgen.22393)]. Con los datos obtenidos se realizó un alineamiento con el genoma de referencia de *D. melanogaster*, mapeos de las lecturas anotadas, ensamblaje, reconstrucción y cuantificación de transcritos, utilizando FlyBase para la identificación de genes y un análisis KASS/KEGG. Se encontraron 38 genes diferenciales en hembras, con respecto a machos, asociados a proteínas estructurales, desórdenes metabólicos,

mitocondriales (estrés oxidante) y de neurodegeneración.

CIG-SMG 2019-010**INDUCCIÓN DE OSTEOSARCOMA Y EFECTOS BIOQUÍMICOS EN RATAS TRATADAS CON BENZOPIRENO**

Paniagua Pérez R¹, Franco y Bourland R¹, Madrigal Bujaidar E²,
Alvarez-González I², Martínez Coria E⁴, Araujo Monsalvo V³,
Domínguez Hernández V³, Pichardo-Bahena R⁴, González-Cortez J⁴,
Luna Méndez M⁵

¹Servicio de Bioquímica, INRLGII,

²Laboratorio de Genética-ENCB-IPN,

³Servicio de Biomecánica-INRLGII,

⁴Servicio de Anatomía Patológica-INRLGII,

⁵Servicio de Tomografía Computada-INRLGII

El osteosarcoma (OS) ocurre en adolescentes en huesos largos, y el tratamiento es con quimioterapia o cirugía. El pronóstico de pacientes con metástasis es pobre. Los modelos murinos contribuyen a la comprensión de la patogénesis y al desarrollo de nuevas terapias, debido al conocimiento y caracterización de las etapas carcinogénicas. El benzopireno (BZP) es un hidrocarburo, su alto contenido en alimentos se genera por procesos de combustión, se ha reportado como un potente inductor de cáncer, entre ellos el OS. El objetivo fue estandarizar en el Servicio de Bioquímica del INRLGII, un modelo de carcinogénesis ósea experimental, para la inducción química de osteosarcoma. Se indujeron lesiones preneoplásicas en ratas macho de la cepa Sprague Dawley con un peso promedio de 250 g, manipuladas de acuerdo a la NOM-062-ZOO-1999, mediante la administración cada 24 hr por 30 días en forma perifemoral de una dosis de 25 mg/Kg de BZP (Sigma-Aldrich). Se registró el peso de las ratas diariamente. Se tomaron muestras sanguíneas para realizar estudios de genotoxicidad y citotoxicidad, y pruebas bioquímicas como: velocidad de sedimentación (VSG), proteína C reactiva (PC), fosfatasa alcalina (FA) y deshidrogenada láctica (DHL). Al cumplir nueve semanas se sacrificaron todos los animales, se extrajeron los fémures, tibias, peronés, hígados y pulmones para su estudio histopatológico. El análisis estadístico se realizó utilizando ANOVA unifactorial y *t* de Student. Se observó una disminución del peso promedio (28%) en la sexta semana. La frecuencia de MN se incrementó significativamente (33.73 ± 0.53) al administrar BZP. La frecuencia de eritrocitos policromáticos en la relación EPC/ENC disminuyó significativamente al administrar benzopireno (2.17 ± 0.31). Se observó un incremento del 74% de la FA. La LDH se incrementó hasta un 67% y la VSG presentó un aumento de hasta un 114%. El estudio histológico demostró la presencia de atipia celular y osteoide en todas las ratas tratadas y la formación de tumoraciones en el fémur administrado con BZP. El BZP es altamente genotóxico y citotóxico en ratas Sprague Dawley. La utilización de BZP

genera OS por lo que puede servir como modelo experimental en la inducción química de OS.

CIG-SMG 2019-011**INDUCCIÓN DE MUTANTES CON RAYOS GAMMA Co⁶⁰ EN GERMOPLASMA SEGREGANTE BC₃ DE GIRASOL (*Helianthus annuus* L) CULTIVADO POR SILVESTRE, Y SU EFECTO EN EL CONTENIDO Y CALIDAD DE ACEITE**

Angeles-Espino A^{1*}, Robles-Sánchez R², Rodríguez-Guzman E¹,
Pimienta-Barrios E¹

¹Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias,
Universidad de Guadalajara, Camino Ramón Padilla Sánchez No. 2100
Nextipac, Zapopan, Jalisco, México. CP 45100.

²Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey, Campus Monterrey,
Av. Eugenio Garza Sada 2501 Sur Col. Tecnológico, Monterrey, N.L. México. CP 64849.

*Autor para correspondencia: aangeles1305@gmail.com

El girasol es la segunda oleaginosa en importancia por la superficie sembrada, la resistencia a condiciones adversas y por el contenido y calidad del aceite, además que el 95% de la demanda nacional proviene de la importación de diferentes semillas oleaginosas. Se requiere generar híbridos y variedades de alto rendimiento de aqúenio, contenido y calidad de aceite. Se indujeron mutaciones al irradiar semillas de girasol con rayos gamma Co⁶⁰ con: 0 (testigo), 100, 200, 300 y 400 Gy, para determinar su respuesta en caracteres agronómicos, contenido y calidad de aceite, así como seleccionar mutantes en las generaciones M₁ y M₂. El experimento se realizó en el Campo Experimental del ITESM-Campus Monterrey, en un diseño experimental en cuadro latino 5x5, en las dos generaciones (M₁ y M₂). Para los análisis estadísticos se utilizaron ANOVA, Tukey y regresión lineal. Se evaluó la sobrevivencia, días a floración, diámetro de capítulo, porte de planta, contenido de aceite, ácido esteárico, palmítico, oleico y linoleico. En la generación M₁ la sobrevivencia disminuyó conforme la radiación se incrementó y la DL₅₀ se obtuvo en 180 Gy; mientras que en M₂ la diferencia no fue significativa. Los días a floración aumentaron de 45 en 200 Gy a 70 en 400 Gy en M₁ y M₂. La altura de planta disminuyó significativamente a partir de los 300 Gy en las dos generaciones; mientras que en diámetro de capítulo se presentó un comportamiento reversivo en la dosis de 400 Gy en M₁. El contenido de aceite disminuyó en 200 y 400 Gy en M₁, mientras que en M₂ el comportamiento fue reversivo al incrementarse el contenido en 300 Gy. Los ácidos palmítico, esteárico y linoleico no fueron afectados por la radiación. El ácido oleico se incrementó en las dosis de 100 y 200 Gy en las generaciones M₁ y M₂, lo que permitió seleccionar

genotipos con mayor contenido y calidad de aceite. Se seleccionaron mutantes de porte bajo (quimeras) en M_1 , mientras que en la generación M_2 la selección se basó en mutaciones génicas favorables para días a floración, diámetro de capítulo, contenido de aceite y ácido oleico. Se determinó la DL_{50} .

CIG-SMG 2019-012**DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE *Anaplasma marginale* (THEILER) EN BOVINOS Y CANINOS DEL ESTADO DE TAMAULIPAS, MÉXICO**

Rodriguez García IE, Martínez Sánchez NL, Flores Gracia J*,
Pérez Arriaga E

Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria. Boulevard Lic. Emilio Portes Gil #1301,
Tecnológico, 87010 Cd Victoria, Tamps.

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

Los hemoparásitos son organismos unicelulares, microscópicos, pleomorfos e intracelulares. Estos producen distintos tipos de infecciones causantes de enfermedades comunes en animales pero algunas de estas son frecuentes en el humano. *Anaplasma marginale* es causante de la anaplasmosis bovina, infectando a los eritrocitos, ocasionando severas anemias, desnutrición, reacciones febriles, abortos y en muchos de los casos, la muerte, ya que una vez infectado el organismo se vuelve reservorio de por vida, creando vías de dispersión y trasmisión. Su importancia radica en la ganadería y en la vía de trasmisión por medio de vectores de hábitos hematófagos como pulgas, piojos, mosquitos, chinches y principalmente garrapatas. Para conocer la presencia en el estado de *A. marginale* se muestrearon 28 bovinos pertenecientes a los municipios de Victoria, Soto la Marina, Güemez, Villa de Casas, Abasolo, Llera y 2 caninos de Victoria, a los cuales se les realizó una valoración hematológica por medio de un hemograma, microscopia por medio de frotis utilizando la tinción Giemsa, extracción de ADN utilizando el kit ReliaPrep™ Blood gDNA Miniprep System y PCR punto final utilizando los primers forward TCCTCGCCTTGCCCTCAGA y reverse TACACGTGCCCTACCGACTTA, para la detección del gen MSP5. Las 30 muestras analizadas dieron valores normales para hematocrito, hemoglobina, leucocitos, eritrocitos. Los valores para V.G.M estuvieron por arriba de lo normal. En microscopia todas resultaron positivas. De las 28 muestras bovinas que fueron sometidas a PCR 19 resultaron positivas y en el caso de las muestras caninas ambas fueron negativas. Se determinó la presencia de *A. marginale* en estos municipios del estado. Sin embargo, se puede concluir que la técnica convencional de tinción no es 100% confiable para su detección.

CIG-SMG 2019-013**IDENTIFICACIÓN DE LA MUTACIÓN c.187 C>T EN EL GEN
ATP6V0A2 MEDIANTE PCR-ARMS**

González Domínguez CA¹, Martínez-Duncker Ramírez I¹,
Salinas-Marín R^{1,2}

¹Lab. de Glicobiología Humana y Diagnóstico Molecular,
Universidad Autónoma del Estado de Morelos;

²Laboratorio Nacional para la Producción y Análisis de Moléculas y Medicamentos
Biotecnológicos, IBT, UNAM. Av. Universidad No.1001-2001, Col. Chamilpa,
Cuernavaca, Morelos. Tel. 7773297000, Ext. 3664, 3381

Los desordenes congénitos de la glicosilación (CDG) son enfermedades que ocurren como consecuencia de errores en los patrones de glicosilación y pueden manifestarse de forma directa cuando ocurre una alteración de este proceso por mal funcionamiento de enzimas como glicosiltransferasas y glicosidasas, o indirectamente cuando las condiciones óptimas, necesarias para que estas enzimas funcionen correctamente en los diferentes compartimientos (como el pH), se ven alteradas. Un tipo de CDG donde la glicosilación se ve afectada debido a alteraciones en el pH es el ATP6V0A2-CDG, que se presenta cuando existen mutaciones en el gen ATP6V0A2, el cual codifica para la subunidad a2 del dominio V0 de la ATPasa de tipo vacuolar. Esta bomba tiene una variedad de funciones cruciales para cada organelo donde se encuentra, como el mantenimiento del gradiente de protones a través de la membrana vacuolar, permitiendo que el organelo donde está presente, lleve a cabo correctamente esta función manteniendo su pH constante (particularmente en el aparato de Golgi). El ATP6V0A2-CDG recesivo causa un síndrome que se conoce como cutis laxa, caracterizado porque los pacientes presentan piel redundante, retrognatia, hernias, divertículos, retraso mental, hipotonía y macrocefalia. Cabe señalar que en México, nuestro grupo de investigación ha reportado la existencia de pacientes con este síndrome debido a mutaciones puntuales en el gen ATP6V0A2. En este trabajo se planteó establecer una metodología de PCR-ARMS para identificar la mutación c.187 C>T en el *ATP6V0A2* con el propósito de proporcionar una alternativa más económica y accesible, que la técnica de secuenciación, para la identificación de dicha mutación en muestras de ADN genómico de individuos con cutis laxa y sospecha de posible CDG. Los resultados obtenidos sugieren que la metodología establecida por PCR-ARMS permite detectar la mutación c.187 C>T en el exón 2 del

gen ATP6V0A2, además de que es capaz de distinguir entre individuos heterocigotos y homocigotos para dicha mutación.

CIG-SMG 2019-014**FRECUENCIA DE ANOMALÍAS CROMOSÓMICAS
EN PACIENTES DEL HOSPITAL INFANTIL DE TAMAULIPAS
EN EL PERIODO DE JUNIO A DICIEMBRE DEL 2014**Guzmán Gallegos IN, Mújica Sánchez M, García Nava FI,
Barraza García A*Servicio de Genética. Hospital Infantil de Tamaulipas, Calz. Gral. Luis Caballero S/N,
Col. Del Maestro, CP 87060 Cd. Victoria, Tamaulipas.

*Autor para correspondencia: nally_13g@hotmail.com

Las alteraciones cromosómicas se manifiestan produciendo una ganancia o pérdida del total o de una región específica de uno o varios cromosomas, ocasionando de esta manera algún efecto en el número y/o estructura cromosómica. Dichas alteraciones repercuten en aproximadamente 7.5 % de todas las concepciones, por lo tanto representan una causa de morbilidad y mortalidad, principalmente en la edad pediátrica. El objetivo fue determinar las características socio-demográficas y la frecuencia de alteraciones cromosómicas, mediante el estudio de cariotipo, en pacientes referidos al Servicio de Genética del Hospital Infantil de Tamaulipas, en el periodo comprendido del mes de junio a diciembre del año 2014. Se realizó un estudio observacional, transversal y analítico en el cual fue revisada la base de datos de los estudios de cariotipo realizados, tomando en cuenta la información del paciente. Los datos fueron recolectados utilizando el programa informático Excel 2007 y el análisis de los resultados se llevó a cabo con el programa estadístico STATA 12.0. Los pacientes analizados fueron 92, de los cuales 29 (31.52 %) presentaron un cariotipo alterado. En cuanto al tipo de alteración cromosómica en 23 de los pacientes fueron numéricas (79.30 %) y en 6 de ellos estructurales (20.68 %). No se encontró diferencia estadística significativa en cuanto al género del paciente. El municipio donde se encontró una mayor frecuencia de pacientes con cariotipo alterado fue Victoria con 9 (31.03%) casos. La prevalencia de anomalías cromosómicas encontrada en los pacientes referidos al servicio de Genética del Hospital Infantil de Tamaulipas, enfatiza la necesidad de obtener el cariotipo y estudios genéticos, además de poner en manifiesto la importancia de la citogenética como herramienta de diagnóstico en conjunto con las distintas disciplinas del área médica.

CIG-SMG 2019-015**HONGOS FITOPATÓGENOS ASOCIADOS CON EL DETERIORO DE CÍTRICOS EN LA ZONA CENTRO DE TAMAULIPAS**

Flores-Hernández H*, Flores-Gracia J, Azuara-Domínguez A

División de Estudios de Posgrado e Investigación,
Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria, Boulevard Emilio Portes Gil No. 1301,
C.P. 87010, Ciudad Victoria, Tamaulipas

*Autor para correspondencia: hfhmex@hotmail.com

La citricultura en el mundo está sufriendo grandes pérdidas económicas por causa de plagas y enfermedades. En México esta situación es similar por la existencia de diversos patógenos como la presencia del agente causal del HLB. En enero del 2018, la SAGARPA dictaminó la presencia de *Candidatus liberibacter*. La presencia de hongos fitopatógenos que atacan la raíz, tronco, hojas y frutos constituyen un factor de riesgo para el desarrollo de estos cultivos. Los objetivos de este estudio fueron identificar morfológica y molecularmente diferentes cepas de hongos aisladas de frutos con pudrición del pedúnculo, ramas con muerte descendente, así como de tronco y raíz, en huertas de la región citrícola de Tamaulipas y determinar su asociación con el deterioro del árbol. Las muestras se trasladaron para su estudio al laboratorio. Se observaron al microscopio estereoscópico (32X) para determinar los síntomas y las afectaciones presentes. Se realizó el aislamiento del hongo en medio H y se realizó la extracción del DNA. Se amplificó la región ITS (espacios intergénicos ITS1 e ITS2 y que incluye el gen 5,8S rRNA) por PCR. Las secuencias obtenidas demostraron que las especies aisladas fueron *Lasiodiplodia theobromae*, *L. jatrophiicola*, *L. pseudotheobromae*, *Fusarium keratoplasticum* y *Colletotrichum gloeosporoides*, agentes causales de diferentes afectaciones en el árbol. Se compararon con secuencias de la base de datos del banco de genes del National Center for Biotechnology Information (NCBI), para confirmar la identidad de los hongos.

CIG-SMG 2019-016**VARIABILIDAD GENÉTICA DEL GENOMA MITOCONDRIAL DEL ATÚN ALETA AMARILLA *Thunnus albacares* Y FILOGEOGRAFÍA GLOBAL DE SUS POBLACIONES**

Castro-Hernández PA, Díaz-Jaimes P, Uribe Alcocer M*

Departamento de Ecología Molecular, Laboratorio de Genética de Organismos Acuáticos, Instituto de Ciencias del Mar y Limnología.
Circuito Exterior S/N, Ciudad Universitaria, Delegación Coyoacán, 04510, CDMX.
*Autor para correspondencia: muribear@hotmail.com

El atún aleta amarilla (*Thunnus albacares*) es una especie pelágica cosmopolita de gran importancia pesquera y actualmente sobreexplotada. Estudios previos para determinar diferencias genéticas entre las poblaciones del atún aleta amarilla de los océanos Pacífico y Atlántico mediante el uso de ADN mitocondrial han mostrado resultados discordantes sobre las diferencias existentes y sobre la definición de unidades de manejo y conservación, principalmente debido a las técnicas utilizadas para analizar el ADN mitocondrial. Actualmente mediante el uso de Secuenciación de Nueva Generación (NGS), es posible incrementar la resolución para determinar diferencias genéticas entre poblaciones. En el presente estudio fueron analizadas 51 secuencias completas del genoma mitocondrial pertenecientes a 7 poblaciones del Pacífico y 31 secuencias completas pertenecientes a 5 poblaciones del Atlántico, con la finalidad de determinar si existen diferencias genéticas entre las poblaciones y entre las cuencas oceánicas. La construcción de bibliotecas genómicas fue llevada a cabo mediante el protocolo kit KAPA HyperPrep Kit v3.15 de KAPA BIOSYSTEMS. Los genomas mitocondriales presentaron una longitud de 16,537 pares de bases. Se determinó una alta diversidad haplotídica pero una baja diversidad nucleotídica. Las pruebas de diferenciación pareada ϕ ST tanto entre océanos como entre poblaciones, no indicaron la existencia de diferencias genéticas significativas posteriores a las correcciones de Bonferroni. Igualmente, la red de haplotipos y el árbol filogenético no mostraron una estructura filogeográfica clara entre cuencas oceánicas. Nuestros análisis muestran que en ambos océanos se han dado expansiones demográficas, en el Pacífico hace aproximadamente 61,123 años y en el Atlántico hace aproximadamente 67,663 años. Las estimaciones de polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) dentro del genoma mitocondrial, resultaron en 13 SNPs. Las diferencias pareadas ϕ ST entre poblaciones, con base en dichos SNPs, no indicaron diferencias genéticas posteriores a las correcciones de Bonferroni. No obstante, las diferencias pareadas ϕ ST entre océanos basadas en las frecuencias haplotídicas de los (SNPs), mostraron una diferenciación genética significativa entre océanos (ϕ ST= 0.00969; P=0.027). La red de haplotipos producto de los (SNPs) y el árbol filogenético no indicaron

tampoco una estructura filogeográfica clara entre océanos.

CIG-SMG 2019-017**DETECCIÓN DE *Brucella* spp. EN LÁCTEOS Y DERIVADOS MEDIANTE PCR EN TIEMPO REAL EN TAMAULIPAS, MÉXICO**Mandujano JA¹, Pérez JY², Cortez AM², Reyes BDL², Brussolo RM^{1,2}¹Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria, Tamaulipas, 87010, Boulevard Emilio Portes Gil # 1301 Pte. A.P. 175 Cd. Victoria Tamaulipas, México.²Laboratorio de Biología Molecular del Laboratorio Estatal de Salud Pública de Tamaulipas, 87120. Centro Educativo y Cultural, Lic. Adolfo López Mateos S/N Col. Pedro Sosa, Cd. Victoria Tamaulipas, México.

*Autor para correspondencia: rmbussolo@gmail.com

La brucelosis, es una de las zoonosis de importancia a nivel mundial, causada por bacterias del género *Brucella*. La transmisión es por contacto directo con animales infectados y secreciones corporales, o de manera indirecta al consumir alimentos contaminados. El diagnóstico más frecuente es por métodos de cultivo y serológicos (p. ej. rosa de Bengala, aglutinación estándar, aglutinación en presencia de 2-mercaptoetanol, ELISA). Sin embargo, estas pruebas no son lo suficientemente sensibles ni específicas. Por lo anterior, se propuso implementar la técnica molecular de PCR (Polymerase Chain Reaction) en tiempo real para la detección de las especies del género *Brucella*. Esta nueva modalidad de técnica, ofrece una mayor sensibilidad. Se implementó el método con la amplificación exitosa a partir de muestras de leche en medio CARE BUAP de cultivo de *Brucella* (*Brucella abortus*, *B. melitensis* y *B. suis*) que fueron otorgadas al LESPT en 2009 por la Comisión de Control Analítico y Ampliación de Cobertura. El control negativo fue ADN de una cepa de *Escherichia coli*. Se extrajo el ADN con el kit High Pure Template Preparation, marca ROCHE de 19 muestras, de quesos artesanales y leche cruda, suministradas por el Laboratorio Estatal de Salud Pública de Tamaulipas y muestreadas por cuenta propia. Se utilizó el elemento de inserción IS711, como diana en la PCR para identificar especies y biovariedades de *Brucella* spp. Los resultados fueron negativos. Cabe señalar la probabilidad de que exista *Brucella* en el resto de los municipios que no fueron muestreados. Se recomienda realizar estudios que evalúen todo el estado de Tamaulipas.

CIG-SMG 2019-018**CARACTERIZACIÓN BIOQUÍMICA DEL EXTRACTO DE GLÁNDULAS VENENOSAS DE UNA ESPECIE DE ARAÑA VIOLINISTA, *Loxosceles devia* (Gertsch y Mulaik, 1940) DEL NORESTE DE MÉXICO**Ticante Carrizales AGP¹, Corzo Burguete GA^{2*}

¹ Laboratorio de Biotecnología de la División de Estudios de Posgrado e Investigación. Instituto Tecnológico de Cd. Victoria, Tamaulipas. Boulevard Emilio Portes Gil #1301 Pte. A.P. 175 C.P. 87010, Cd. Victoria, Tamaulipas, México.

²Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos. Instituto de Biotecnología. Universidad Nacional Autónoma de México. Av. Universidad S/N, Col. Chamilpa C.P. 62210, Cuernavaca, Morelos, México.

*Autor para correspondencia: almaticante@gmail.com

Uno de los géneros de araña de importancia médica en México es *Loxosceles* (Heineken & Lowe, 1832). Las arañas de este género, son comúnmente conocidas como violinistas, se caracterizan por ser venenosas, abundantes y de carácter sinantrópico; poseen un veneno causante de grandes problemas de salud pública, la esfingomielinasa D es el componente principal que presenta un alto nivel de toxicidad causante de la acción necrótica y hemolítica en el loxoscelismo. Una de las especies de araña violinista, es *Loxosceles devia* (Gertsch Y Mulaik, 1940), su extracto de glándulas venenosas contiene una amplia mezcla de componentes tanto de veneno como de restos celulares, en donde algunos elementos pudieran tener diferentes aplicaciones y usos benéficos para el ser humano. El objetivo de este trabajo fue caracterizar bioquímicamente el extracto de las glándulas venenosas de la ya mencionada especie de araña violinista; se lograron fraccionar los componentes del extracto por medio de RP-HPLC, pudiendo identificar distintos elementos además de la esfingomielinasa D. Se evaluó la actividad hemolítica *in vitro* del extracto de las glándulas de veneno en eritrocitos humanos, obteniendo una baja actividad del extracto sobre estas células. Se determinó la toxicidad de algunas de las fracciones obtenidas del extracto, en grillos y ratones, resultando algunas de estas letales para los organismos modelos de estudio. Además, se hicieron algunas pruebas cualitativas de actividades enzimáticas (fosfolipasa A₂, proteasa y hialuronidasa), mostrando únicamente actividad de proteasa. También, se pretendió identificar la presencia de algún compuesto del extracto de glándula que inhibiera el crecimiento bacteriano, teniendo un resultado negativo. En definitiva, se identificaron acilpoliaminas, péptidos insecticidas, enzimas (proteasas) y proteínas celulares de los

extractos de las glándulas productoras de veneno.

CIG-SMG 2019-019**VARIANTES GENÉTICAS EN LOS GENES CYP2A6 Y UGT1A9 ASOCIADOS CON NIVELES DE METABOLITOS URINARIOS DE NICOTINA EN JÓVENES FUMADORES MEXICANOS**

Borrego-Soto G¹, Pérez-Páramo YX², Chen G², Santuario-Facio SK¹, Santos-Guzmán J¹, Posadas-Valay R³, Alvarado-Monroy FM¹, Balderas-Rentería I⁴, Medina-González R⁵, Ortiz-López R¹, Lazaruz P², Rojas-Martínez A^{1*}

¹Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Tecnológico de Monterrey, Monterrey, México.

²Department of Pharmaceutical Sciences, College of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences, Washington State University, Spokane, Washington, USA.

³Centro Universitario de la Salud, Facultad de Medicina, Universidad Autónoma de Nuevo León, Monterrey, México.

⁴Facultad de Ciencias Químicas Universidad Autónoma de Nuevo León, Monterrey, México.

⁵Centro de Investigación y Desarrollo en Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Nuevo León, Monterrey, México.

*Autor para correspondencia: augusto.rojasmtz@tec.mx.

La nicotina es la principal sustancia farmacológicamente activa del tabaco y de los cigarrillos electrónicos y es responsable de la dependencia. Varios estudios han analizado el papel de los genotipos de enzimas metabolizadoras de nicotina *in vivo*. Sin embargo, pocos estudios se han realizado en la población mexicana. El objetivo del presente trabajo fue identificar posibles asociaciones entre las variantes en los genes que codifican las enzimas metabolizadoras de fase I y II y los niveles urinarios de metabolitos de nicotina en fumadores mexicanos. Los niveles de nicotina y sus ocho metabolitos principales se determinaron por HPLC-MS, en la orina de 88 fumadores entre 18 y 35 años, en Monterrey, México. 167 variantes genéticas en 24 genes asociados con el metabolismo de la nicotina se genotiparon por secuenciación de nueva generación (NGS). Calculados como porcentaje de los equivalentes totales de nicotina (Total-Nic-Eq), la trans-3'-hidroxi-cotina (3HC; 35%) fue el principal metabolito urinario, seguido del ácido 4-hidroxi-4-(3-piridil) butanóico (4HPBA; 17%). Los sujetos heterocigotos y homocigotos para el alelo CYP2A6*12 se asociaron con un alto porcentaje Total-Nic-Eq para 3HC ($p=0.014$), y los sujetos heterocigotos para la variante rs145014075 del gen CYP2A6 se asociaron con altos niveles de nicotina ajustados con creatinina ($p=0.035$). También se observó un mayor porcentaje Total-Nic-Eq para cotinina-N-glucurónido para la variante rs12471326 del gen UGT1A9 ($p=0.030$). Por lo tanto, las variantes en los genes CYP2A6 y UGT1A9 podrían estar relacionadas con los niveles de adicción a la nicotina en la población mexicana. Además, a

diferencia de lo observado en otras poblaciones, el 4HPBA representa un metabolito urinario abundante en los jóvenes fumadores mexicanos.

CIG-SMG 2019-020**ATRX, UNA MOLÉCULA VITAL Y DIVERGENTE DENTRO DE ALGUNOS ÓRDENES DE LA CLASE INSECTA**

Vázquez-López HG, Castañeda-Sortibrán AN, Rodríguez-Arnaiz R

Laboratorio de Genética, Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias,
Universidad Nacional Autónoma de México.

*Autor para correspondencia: hectorianus1977@gmail.com

El gen que codifica para la proteína ATRX se reporta como un regulador transcripcional que actúa de manera dinámica en etapas tempranas del desarrollo del ser humano, relacionándose con procesos de desarrollo y maduración de su sistema nervioso. Mutaciones de ATRX en humanos producen el síndrome de alfa talasemia, relacionadas al cromosoma X. Por otra parte, esta molécula se ha vinculado directamente en el desarrollo de *Drosophila*, al utilizarlo como un modelo de estudio, identificando su actividad en nucleosomas al relajarlos y permitir la expresión de genes o contraerlos e inhibir la expresión de los mismos. A esto se le ha denominado remodelación de la cromatina, sin embargo, la función de esta molécula dentro de otras especies de insectos es incierta. En este trabajo se buscó reconocer dentro de la familia de genes reportada para ATRX, regiones conservadas, y derivadas en los órdenes Hymenoptera, Coleoptera y Lepidoptera, usando secuencias provenientes de genomas completos y comparando su estructura con lo previamente reportado para este regulador transcripcional, ATRX, dentro de *Drosophila* (orden Diptera) y el humano. Reconocimos secuencias homólogas dentro de KEGG, usamos el programa BLAST de NCBI, para encontrar secuencias homólogas dentro de los órdenes de la clase Insecta. Aplicamos paqueterías de alineación múltiple como Parsec y Muscle, reconocimos regiones conservadas para cada orden estudiado de la clase Insecta. De estas alineaciones identificamos la posible estructura terciaria de ciertas regiones conservadas, al compararla con Predict Protein, una paquetería que busca homólogos estructurales, así como la posible estructura de los motivos reconocidos en las bases de datos de Pfam y Uniprot. Con esto, vinculamos variaciones en la secuencia y usamos la paquetería en línea PredictProtein, en donde reconocimos regiones equivalentes en estructura secundaria y posibles homólogos dentro de estructura terciaria. Identificamos cuatro secuencias derivadas de ATRX que cuentan con los mismos motivos conservados dentro de tres especies en el orden Lepidoptera. Además, reportamos dos secuencias derivadas en las especies del orden

Coleoptera que contaron con un arreglo diferencial a los motivos previamente reportados.

CIG-SMG 2019-021**EFFECTO DEL TRICLORURO DE VANADIO SOBRE LOS NIVELES DE EXPRESIÓN DE LAS PROTEÍNAS p21 Y p53 DE LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS *IN VITRO***

Guzmán-Reyes DL, Rodríguez-Mercado JJ, Álvarez-Barrera L, Altamirano-Lozano MA, Mateos-Nava RA*

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental, Laboratorio 5
Primer piso de la UMIEZ, FES-Zaragoza, UNAM,
Batalla del 5 de mayo esquina Fuerte de Loreto s/n, Col. Ejército de Oriente,
C.P. 09230, Iztapalapa, Ciudad de México.

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

El vanadio es liberado al ambiente a través de la quema de combustibles fósiles y erupciones volcánicas, los compuestos de este metal no son biodegradables, por lo que su acumulación en el ambiente implica riesgo de exposición. Se tienen pocos estudios acerca de los efectos de éste en estado de oxidación 3^+ sobre las biomoléculas que controlan la progresión del ciclo celular, por lo cual en este trabajo se evaluó el efecto de la exposición de cultivos de linfocitos humanos a tricloruro de vanadio (VCl_3) por 24, 48 y 72 h, en concentraciones de 2, 4, 8, 16 y 32 $\mu\text{g/mL}$, sobre la proliferación celular y los niveles de expresión de las proteínas p21 y p53, que controlan el ciclo celular. Se determinó el contenido de ADN por citometría de flujo para conocer si había alguna modificación en las fases del ciclo celular, posteriormente, se determinaron los niveles de expresión de las proteínas p21 y p53 mediante la técnica de inmunoelectrotransferencia. Con respecto al contenido de ADN, se presentó incremento en la fase G_1 en las concentraciones de 2 y 32 $\mu\text{g/mL}$ a las 24 h, lo mismo sucede en G_2 a las 72 h, en comparación con el grupo testigo, lo que sugiere retraso del ciclo en esta fase; en cuanto a los niveles de expresión, la proteína p21 aumentó en las concentraciones de 32 a las 48 h y en 2, 8 y 32 $\mu\text{g/mL}$ a las 72 h de tratamiento, en el caso de la proteína p53, el incremento fue en las concentraciones de 4, 16 y 32 $\mu\text{g/mL}$ a las 48 h. Con base en los resultados se puede mencionar que la administración de VCl_3 a linfocitos humanos induce retraso del ciclo celular en la fase G_1 lo cual puede ser efecto del incremento de los niveles de expresión de las proteínas p21 y p53 que se encargan de regular el ciclo.

Este trabajó con el apoyo de los proyectos DGAPA PAPIIT IN224916 y PAPIIME PE211918.

CIG-SMG 2019-022**EVALUACIÓN DEL EFECTO DE LA DESNUTRICIÓN SOBRE ATM Y H2AX EN RATAS LACTANTES**

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

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

²Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN), FES Zaragoza, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). Batalla 5 de mayo S/N, esq. Fuerte de Loreto, CP. 09230 CDMX, México.

³Posgrado en Biología Experimental, UAM-Iztapalapa, CDMX, México.

*Autor para correspondencia: cobe@xanum.uam.mx

A causa de una dieta deficiente y/o escasa de nutrientes, se genera el estado patológico denominado desnutrición. El sector de la población más afectado por este padecimiento son los infantes, debido a la alta demanda de nutrientes para su adecuado desarrollo. Información previa muestra daño genético elevado en humanos y modelos animales desnutridos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de la desnutrición sobre dos proteínas que participan en el reconocimiento del daño al ADN por rupturas de doble cadena (DSBs): ATM y H2AX fosforiladas (pATM y gH2AX). La desnutrición experimental se indujo a ratas Wistar lactantes por el método de competencia de alimento, asignando a una nodriza 16 crías (grupo desnutrido, DN) y para el grupo control bien nutrido (BN) 6 a 7 crías. Posterior al día de su nacimiento (día 1), se pesaron cada tercer día para establecer el grado de desnutrición, dependiendo del déficit de peso comparado con el lote control. El día 21 (destete), se obtuvo sangre por punción cardiaca y se extrajo bazo de las ratas BN y con DN moderada y grave; las muestras se incubaron con anticuerpos conjugados para identificar linfocitos T y B, al igual que pATM y gH2AX, para identificar el porcentaje de linfocitos que mostraran estas proteínas fosforiladas por citometría de flujo. Se adquirieron 20000 eventos por muestra en un citómetro FACScalibur. Los grupos con DN moderada y grave muestran aumento en el porcentaje de linfocitos T y B pATM+ en bazo, comparados con el grupo control. Así mismo en el grupo con DN moderada hay un aumento en el porcentaje de linfocitos T y B doble positivos (pATM+/gH2AX+) comparados con el grupo BN en bazo. Este mismo grupo (con DN moderada) a su vez, muestra aumento en el porcentaje de linfocitos B gH2AX+ en bazo, todos estadísticamente significativos. Los datos

obtenidos en conjunto con la información previa que demuestra daño genético elevado en organismos desnutridos, sugieren que la continuidad de la respuesta al daño del ADN está alterada en el grupo con DN grave.

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

CIG-SMG 2019-023**CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA DE MATERIALES DE MAÍZ
(*Zea mays* L.) SOBRESALIENTES DE TEMPORAL
Y SU RELACION CON EL RENDIMIENTO DE GRANO**

Hernández-Rodríguez M¹, González-González B², Mejía-Contreras JA¹,
Lobato-Ortíz R¹, García-Zavala JJ^{1*}

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

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

Con la finalidad de acelerar el avance genético y mejorar la eficiencia del mejoramiento en el maíz, actualmente es posible utilizar marcadores moleculares para precisar la selección e informar acerca del modo en que actúan los genes que controlan ciertos caracteres. En este trabajo reportamos resultados preliminares del empleo de marcadores tipo SSR para predecir el rendimiento en materiales de maíz por medio de su riqueza alélica. Para este propósito se examinó la riqueza alélica y se evaluó el rendimiento de grano y sus componentes en 41 genotipos sobresalientes de maíz de temporal. Los genotipos bajo estudio incluyeron líneas autofecundadas, híbridos y variedades, los cuales se caracterizaron con 10 marcadores tipo microsatélite y se evaluaron en tres ambientes: riego, temporal y sequía, en un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones. En total, el número de alelos (NA) por locus varió de 2 a 5, con un promedio de 3 alelos, para dar un total de 33 alelos diferentes identificados. Estos alelos oscilaron de 10 a 18 para todos los genotipos; para las líneas, el NA varió de 10 a 16 en tanto que para híbridos y variedades osciló de 13 a 18. El locus más informativo fue umc1153 (con un contenido de información polimórfica, PIC, de 68%) mientras que el menos informativo fue phi059 con un 28%. Los resultados también mostraron que las líneas fueron las más diversas con un PIC de 43% pero fueron las más homogéneas con una heterocigosidad de 0.2, siguieron las cruas e híbridos con un PIC de 27% y 36% y heterocigosidad de 0.43 y 0.48, respectivamente. El análisis de correlación entre el rendimiento y sus componentes con el NA indicó que los 10 loci analizados guardan una relación positiva con los valores observados de las variables medidas, sobre todo en las líneas y las variedades, indicando una probable relación entre la riqueza alélica y el rendimiento.

CIG-SMG 2019-024**EVALUACIÓN DE POLIMORFISMOS EN GENES RELACIONADOS CON LA DEGRADACIÓN DE AMILOIDE BETA (A β) EN PACIENTES CON ENFERMEDAD DE ALZHEIMER Y SU RELACIÓN CON APOE4**

Batún-Bolaños K¹, Toral-Ríos D², Delgado-Namorado Y³, Ramos G⁴, Campos-Peña V⁵

¹Facultad de Química, Universidad Nacional Autónoma de México

²Centro de Investigación y de Estudios Avanzados,
Departamento de Fisiología Biofísica y Neurociencias

³Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa (UAMI)

⁴Mc Gill Univ., Montreal, Qc, Canada;

⁵Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, Manuel Velasco Suárez.
Laboratorio Experimental de Enfermedades Neurodegenerativas

La Enfermedad de Alzheimer (EA) es la principal causa de demencia presente en adultos mayores. Histopatológicamente se caracteriza por la presencia de marañas neurofibrilares y placas neuríticas, estas últimas formadas por el péptido amiloide beta (A β). Muchos autores han sugerido que el principal factor de riesgo en la EA de tipo esporádico, es la presencia del alelo ϵ 4 de la apolipoproteína E (ApoE4). Otros genes que participan en el desarrollo de esta patología son el que codifican la neprilisina (NEP), la enzima convertidora de angiotensina (ACE) y la enzima degradadora de insulina (IDE); todos ellos juegan un papel importante en la degradación de A β . En este proyecto se genotipificaron 12 variantes genotípicas de un solo nucleótido (SNP's) localizados en estos genes, así como el genotipo de ApoE mediante el uso de sondas TaqMan (Applied Biosystems) empleando PCR-tiempo real. El estudio, fue realizado en un grupo de 171 pacientes con EA y un grupo testigo formado por 246 individuos. La diferencia en las frecuencias alélicas, genotípicas y haplotípicas fueron analizadas, a su vez se realizó la prueba de χ^2 . Se encontró que el alelo C de la variante rs3758505 del gen de IDE, aumenta hasta 2 veces el riesgo de desarrollar la enfermedad. En el polimorfismo rs1025192 del gen de NEP, el genotipo heterocigoto (C/T), puede también incrementar el riesgo de desarrollar la EA. Se obtuvieron 163 combinaciones multiloci de las cuales solo una resultó significativa. La combinación CAG del gen de IDE está relacionada con un incremento en el riesgo de desarrollar la EA de hasta 16 veces. Existe un desequilibrio de ligamiento entre los polimorfismos rs4343 y rs4362 del gen de ACE. La presencia del alelo ϵ 4 ApoE confiere un incremento en el riesgo de desarrollar la enfermedad en combinación con el genotipo heterocigoto del polimorfismo rs4646954 del gen de IDE.

CIG-SMG 2019-025**EVALUACIÓN DE POLIMORFISMOS EN LOS GENES GSK3, MAPT, APOE Y HSP COMO POSIBLES MARCADORES DE RIESGO DE EPILEPSIA REFRACTARIA Y ENFERMEDAD DE ALZHEIMER**

Pichardo-Rojas P¹, Gálvez-Coutiño C², Ramos G³, Toral-Rios D⁴, Campos-Peña V^{5*}

¹Universidad Autónoma de Baja California.

²Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa (UAMI)

³Mc Gill Univ., Montreal, Qc, Canada

⁴Centro De Investigación y de Estudios Avanzados, Departamento de Fisiología Biofísica y Neurociencias

⁵Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, Manuel Velasco Suárez. Laboratorio Experimental de Enfermedades Neurodegenerativas

La enfermedad de Alzheimer (EA) y la epilepsia del lóbulo temporal (ELT), así como la epilepsia asociada a tumor cerebral (EAT), son enfermedades neurodegenerativas comunes a nivel global. Patogénicamente se caracterizan por hiperfosforilación de la proteína tau, desequilibrio de la homeostasis de neurotransmisores excitatorios e inhibitorios, alteraciones estructurales del citoesqueleto neuronal, pérdida sináptica, así como neuroinflamación. Estas alteraciones están asociadas directamente con la presencia de la hiperfosforilación de tau y sus consecuentes agregados. El objetivo de este estudio, es determinar si la presencia de variantes de un solo nucleótido (SNP) en los genes de *MAPT*, *HSP*, *ApoE* y *GSK3*, están asociados con ELT sin y con esclerosis hipocampal (ELTEH) y EAT en pacientes con epilepsia farmacoresistente, así como pacientes con EA. Se genotipificaron 9 polimorfismos en 48 sujetos con ELT sin esclerosis, 82 con ELT con esclerosis, 66 con EAT, 90 pacientes con EA y 200 testigos. Las variantes fueron genotipificadas usando sondas tipo TaqMan (Applied Biosystems) empleando PCR-tiempo real. La diferencia en las frecuencias alélicas, genotípicas y haplotípicas fueron analizadas, a su vez se realizó la prueba de χ^2 . Se encontraron diferencias significativas en las frecuencias genotípicas entre ELT y testigos para los polimorfismos en rs222 y rs391 en el gen HSP (T/T y C/C respectivamente, $p < 0.05$). También se encontraron que los polimorfismos rs146, rs242 y rs752 en el gen MAPT (G/A, G/G y C/C respectivamente, $p < 0.05$) se encontraban con mayor frecuencia en el grupo de ELT. En pacientes con ELTEH, se observó que los genotipos T/T y C/C, de los polimorfismos rs222 y rs391 de HSP, se encontraban preferentemente en este grupo de pacientes. Finalmente,

los pacientes con ELTEH solo para el genotipo G/G en rs242 para el polimorfismo de MAPT se encontraba preferentemente en el grupo de ELT al compararlos con los testigos ($p < 0.05$). La presencia de algunos polimorfismos en los genes que codifican GSK3, HSP y Tau se encuentra asociada con epilepsia en nuestra población, y estas asociaciones están presentes entre los diferentes tipos de epilepsia estudiados y en pacientes con EA. Estas alteraciones a su vez pudieran estar asociadas con su proceso neurodegenerativo.

CIG-SMG 2019-026**CAMBIOS CELULARES INDICATIVOS DE APOPTOSIS,
INDUCIDOS POR CONTAMINANTES ATMOSFÉRICOS
DEL VALLE DE MÉXICO EN *Gnaphalium lavandulifolium***

Cortés-Eslava J*¹, Gómez-Arroyo S¹, Mérida-Cortés PA¹,
Flores-Márquez AR¹, Grutter-de la Mora M, Valencia-Quintana R³,
Lara-Martínez R⁴, Jiménez García LP⁴

¹Laboratorio de Genotoxicología y Mutagénesis Ambientales y

²Espectroscopía y Percepción Remota, Centro de Ciencias de la Atmósfera,
Universidad Nacional Autónoma de México. Circuito Exterior, Ciudad Universitaria,
Coyoacán 04510, Ciudad de México, México.

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

⁴Laboratorio de Microscopía Electrónica, Edificio Tlahuizcalpan, Facultad de Ciencias,
Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510,
Ciudad de México, México.

*Autor para correspondencia: jcortes@atmosfera.unam.mx

La mezcla de contaminantes ambientales está entre las principales causas de daño celular y genético en los organismos, para evaluar su efecto, las plantas constituyen un biomarcador óptimo, dada su economía, facilidad de manejo, ciclo de vida corto y gran reproducibilidad. La muerte celular programada (MCP), implica una secuencia de eventos controlados genéticamente que conducen a la destrucción organizada de la célula. En vegetales se ha identificado una MCP parecida a la apoptótica: AL-PCD (por sus siglas en inglés), debido a su similitud con la apoptosis de células animales; una característica fundamental es la condensación del protoplasto separándose de la pared. Con el objetivo de analizar los cambios celulares a nivel ultraestructural, indicativos de AL-PCD en las hojas de la planta silvestre *G. lavandulifolium*, se colocó en cuatro sitios de la Zona Metropolitana del Valle de México: Coyoacán, Ecatepec, Tlalnepantla y Alzomoni. La exposición se realizó durante 2, 4 y 8 semanas. Posteriormente, las muestras se fijaron con paraformaldehído/glutaraldehído, post fijándose con tetra óxido de osmio, seguido de una deshidratación con cambios graduales de metanol (30-100%), la pre-inclusión fue con óxido de propileno/EPON, incluyéndose finalmente en EPON puro dejándolo polimerizar 24 h a -20 °C y después a temperatura ambiente en presencia de luz UV. Se elaboraron cortes ultra finos, tiñendo con azul de toluidina para revisar y seleccionar la mejor zona del bloque para su

observación al microscopio electrónico de transmisión, con el fin de obtener las imágenes ultra estructurales. Asimismo se analizó el contenido de metales pesados en las plantas de cada sitio, encontrando altas concentraciones de metales probadamente tóxicos. Los resultados mostraron cambios morfológicos en las células dependiendo del sitio y tiempo de exposición, siendo mayor en Ecatepec y Tlalnepantla con relación al testigo que se mantuvo en una cámara de crecimiento bajo condiciones controladas. Se observó deterioro de organelos celulares, desde la semana 4 y mayormente en la 8, así como contracción del protoplasto, característica típica de la AL-PCD. Se puede concluir que los cambios morfológicos observados en las células son atribuibles al tiempo de exposición a la contaminación atmosférica de cada sitio.

Agradecimientos: Al Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT) IN112517.

CIG-SMG 2019-027**EVALUACIÓN DE EROS Y MEROS EN DOS CEPAS DE *Drosophila melanogaster***

Ponciano-Gómez JA¹, Sigrist-Flores SC¹, Jiménez-Flores JR¹, Campos-Aguilar M¹,
Piedra Ibarra E², Castañeda-Partida L³, Santos-Cruz LF³, Heres-Pulido ME³,
Dueñas-García IE^{3*}

¹Laboratorio de Inmunología, Unidad de Morfología y Función,

²Laboratorio de Fisiología Vegetal, Unidad de Biotecnología y Prototipos,

³Laboratorio de Genética Toxicológica. FES Iztacala, UNAM.

Av. de los Barrios No. 1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla. C.P 54090. Estado de México.

*iduenasg@gmail.com

Las especies reactivas de oxígeno citoplásmicas (EROs) y mitocondriales (mEROs) son importantes en el desarrollo de síndrome metabólico, diabetes y cáncer. Por razones estadísticas, biológicas y bioéticas, usamos *D. melanogaster* para cuantificar EROs y mEROs. En el bioensayo SMART en ala se usa la cepa flare (1) que tiene niveles inducibles de citocromos P450 (Cyp450s) y Oregon R(R)-flare (2) que los tiene altos por una mutación que la hace resistente a los insecticidas. Se evaluaron EROs totales y mEROs, en estas dos cepas, para conocer las diferencias mediadas por la mutación y su efecto en el metabolismo. En células intestinales de larvas de 96±4 h, se evaluaron las EROs mediante Amplex Red®, y las mEROs con diclorofluoresceína. mEROs en (2) presentaron 43% más eventos positivos que en (1), sin mostrar diferencias en la concentración por célula. Las EROs indicaron una concentración mayor en (2), sin diferencias en el % de eventos positivos, lo que sugiere que el % elevado de mEROs afecta contundentemente la generación de EROs en el citoplasma, y de forma independiente de la mitocondria. Efecto posiblemente compensado por los sistemas antioxidantes. Para probar lo anterior, cuantificamos catalasa (CAT) y superóxido dismutasa (SOD) con anticuerpos específicos y citometría de flujo; la cepa (2) presentó aumento de 32% y 23%, respectivamente, con respecto a (1). Los resultados muestran que estas cepas de *D. melanogaster* son un buen modelo para estudiar estrés oxidante y, además, permitirá interpretar las diferencias entre las cruces de SMART en ala.

PAPIIT_IN227619

CIG-SMG 2019-028**ESTUDIO GENOTÓXICO Y CITOTÓXICO
POR EL USO RECREATIVO DE LA MARIHUANA**

Segundo Olvera CT¹, Montes Santos KNY¹, Aguirre Castañeda AL²,
Hernández Serrano M³, Montenegro Morales LP⁴, Castillo Cadena J^{4*}

¹Universidad Milenium.

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

³Unidad de Genética, Unigen.

⁴Clínica Multidisciplinaria de Salud, Universidad Autónoma del Estado de México.
Jesús Carranza 205, Col Universidad, C.P. 50130, Toluca, Estado de México,

*Autor para correspondencia: jcastilloc@uaemex.mx

En México la marihuana es la droga ilegal más consumida por personas de 18 a 65 años. La marihuana es el conjunto de hojas secas, flores, tallos y semillas de *Cannabis sativa*. Contiene más de 400 agentes químicos, dentro de los cuales el tetrahidrocanabinol (THC) es el psicoactivo más importante. Los sectores político y legislativo, han abordado el tema de su legalización para distintos fines, sin contemplar los efectos al material genético. No existe información en nuestro país acerca del daño genotóxico que provoca *Cannabis sativa* por uso recreativo. Los resultados a nivel internacional no son concluyentes. El propósito de este estudio fue establecer si existe daño clastogénico y citotóxico en individuos expuestos recreativamente a la marihuana a través de la frecuencia de aberraciones cromosómicas y el índice mitótico respectivamente. Es un estudio transversal comparativo. Se hizo la invitación a participar de manera voluntaria. Quienes aceptaron firmaron una carta de consentimiento informado y llenaron un cuestionario con datos personales. El grupo expuesto de manera recreativa a la marihuana estuvo formado por 30 individuos y el no expuesto también por 30 individuos no expuestos. Se obtuvo muestra de sangre periférica de cada participante. Se hizo cultivo de linfocitos de 48 horas. Se leyeron 100 metafases para AC y 2000 núcleos para IM. El promedio de AC en los expuestos fue 11.46 y en los no expuestos fue 7.28. Se aplicó el estadístico U de Mann-Whitney para determinar diferencias entre ambos grupos. Se obtuvo una $p=0.013$. Lo cual muestra diferencia significativa entre la frecuencia de AC de expuestos vs no expuestos. El IM no mostró diferencia significativa entre ambos grupos. Con base en los resultados obtenidos, se considera que la marihuana consumida de forma recreativa, se comporta como un agente clastogénico pero no citotóxico.

CIG-SMG 2019-029**DAÑO AL ADN, POR EXPOSICIÓN LABORAL A PLAGUICIDAS EN LOS REYES MICHOACÁN, MÉXICO**

Valencia-Quintana R^{1,2,3}, Hernández-Huerta AN¹, Ochoa-Ocaña MA^{2,4},
López-Durán RM⁵, Gómez-Olivares JL^{3,5}, Gómez-Arroyo S⁶,
Sánchez-Alarcón J^{1,2,3*}

¹Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Tlaxcala, México

²CA UATLX-CA-223 Ambiente y Genética, UATx, México

³Red Temática Toxicología de Plaguicidas CONACyT-UA Nayarit, México

⁴Unidad Académica de Estudios Regionales, Coordinación de Humanidades, UNAM

⁵Departamento de Ciencias de la Salud,

Universidad Autónoma Metropolitana- Iztapalapa

⁶Laboratorio de Genotoxicología y Mutagénesis Ambientales, CCA, UNAM, México

*Autor para correspondencia: xcarechava@hotmail.com

En el municipio Los Reyes, Michoacán, coexisten varias actividades económicas, sin embargo la de mayor relevancia es la agricultura. Destaca como centro agroindustrial y enclave comercial de la región. Es tierra propia para el cultivo de caña de azúcar, actualmente la fruticultura ha destacado en primer lugar con zarzamora, frambuesa y arándano, seguida por aguacate, durazno, fresa y otros cultivos. Como consecuencia de ello, el empleo de plaguicidas es un recurso para la protección de sus cultivos por lo que la población está en constante riesgo, al aplicarse gran cantidad y variedad de estos productos, muchos de los cuales han demostrado potencial genotóxico. El propósito del presente trabajo fue evaluar si la exposición laboral a plaguicidas en la localidad es un factor de daño genético en trabajadores agrícolas. Participaron 40 residentes (25 trabajadores y 15 testigos). Todos los participantes fueron informados de los objetivos del proyecto y firmaron un consentimiento informado, después de contestar un cuestionario para determinar algunas características personales. Para evaluar el daño genético, se empleó la técnica del ensayo cometa alcalino en sangre completa, el cual permite determinar roturas de cadena sencilla, doble y sitios sensibles al álcali, analizando 100 núcleos por individuo. Las células son embebidas en agarosa, lisadas y posteriormente sometidas a una electroforesis alcalina, para que los fragmentos de ADN migren hacia el ánodo y se revelen como cola de un cometa, que se visualizó tiñendo con bromuro de etidio, en un microscopio de epifluorescencia Zeiss Axio Lab.A1, empleando el programa Comet

Assay IV para determinar el momento de la cauda. La población expuesta presentó valores promedio de este parámetro de 1.1535 ± 0.1857 , mientras que la población testigo presentó un promedio de 0.9395 ± 0.2729 . Las diferencias entre la población expuesta y la testigo no fueron estadísticamente significativas con la prueba de Mann-Whitney. Lo anterior puede deberse a las normas de control y calidad que se solicitan a los productores para que sus productos puedan ser exportados, lo que ha impactado en un menor daño a pesar de su actividad laboral.

Agradecimientos: **Proyecto respaldado por FOINS-CONACyT referencia 3203.** A la Red Temática de Toxicología de Plaguicidas

CIG-SMG 2019-030**EVALUACIÓN DE LA CAPACIDAD GENOTÓXICA DE SEDIMENTOS DEL SISTEMA HIDROLÓGICO ATOYAC-ZAHUAPAN EN TLAXCALA**

Montiel-González JMR^{1,2,3,4}, Sánchez-Alarcón J^{1,2,3,4}, Hernández-Hernández A^{1,2}, Flores-Márquez AR⁵, Cortés-Eslava J⁵, Suárez-Sánchez J^{3,4,6}, Valencia-Quintana R^{1,2,3,4*}

¹Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Tlaxcala, México

²CA UATLX-CA-223 Ambiente y Genética, UATx, México

³Red de Investigación sobre la Cuenca del Río Balsas

⁴Red Temática Gestión de la calidad y disponibilidad del Agua, CONACyT-México

⁵Laboratorio de Genotoxicología y Mutagénesis Ambiental, CCA, UNAM

⁶Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala

*Autor para correspondencia: xcarechava@hotmail.com

La acelerada urbanización e industrialización del estado de Tlaxcala han generado serias preocupaciones sobre el impacto potencial que estas actividades pudieran tener sobre los cuerpos de agua. El ensayo de micronúcleos (MN) en *Vicia faba* ha sido estandarizado como un protocolo internacional ISO29200 "Assessment of genotoxic effects on higher plants-*Vicia faba* micronucleus test" para suelo y derivados (p.e. sedimentos). En el presente estudio, la genotoxicidad de los sedimentos colectados en el Sistema Hidrológico Atoyac-Zahuapan (SH-AZ) fue evaluada con la prueba de MN en células meristemáticas de la raíz de *Vicia faba*. Se tomaron muestras de 3 puntos a lo largo del SH-AZ, correspondientes a Xalostoc-Atotonilco, Tlaxco y Zona Industrial, como testigos negativo y positivo se emplearon agua de garrafón y dicromato de potasio (0.5%), respectivamente. Las raíces de *Vicia faba* fueron expuestas durante 4 horas con 18 y 44 h de recuperación a temperatura ambiente y en la oscuridad. Enseguida fueron fijadas en metanol : ac. acético (3:1) y se tiñeron con reactivo de Schiff, para posteriormente hacerlas permanentes. El experimento se hizo por duplicado y se analizaron al microscopio (40X), registrando los MN encontrados en 1000 interfases por replica, para un total de 2000 células observadas por tratamiento. Todas las muestras presentaron la facultad de inducir MN, con valores promedio entre 5.04 y 8.81% para 18 horas de recuperación y entre 2.61 y 2.99 para 44 horas de recuperación. Se observa la capacidad de recuperación del daño inducido en las células al dar mayor tiempo de recuperación, no obstante todos los valores estuvieron arriba del registrado en el testigo negativo de 0.56%. En el caso del tratamiento con 18 horas de recuperación las frecuencias estuvieron por arriba del

daño inducido por el testigo positivo que fue de 5.01%. Las frecuencias de MN observadas muestran incrementos significativos en los grupos expuestos a sedimentos al compararlos con el testigo negativo. Se sugiere el desarrollo de investigaciones tanto analíticas como fisicoquímicas con el propósito de identificar al o los posibles causantes de los efectos encontrados, identificando contaminantes orgánicos y/o metales pesados así como su biodisponibilidad.

CIG-SMG 2019-031**GENOTOXICIDAD INDUCIDA POR AGUAS SUPERFICIALES EN LA CUENCA ALTA DEL SISTEMA HIDROLÓGICO ATOYAC-ZAHUAPAN**

Hernández-Hernández A^{1,3}, Sánchez-Alarcón J^{1,2,3,4}, Flores-Márquez AR⁵,
Cortés-Eslava J⁵, Muñoz-Nava H^{3,4,6}, Montiel-González JMR^{1,2,3,4},
Valencia-Quintana R^{1,2,3,4*}

¹Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Tlaxcala, México

²CA UATLX-CA-223 Ambiente y Genética, UATx, México

³Red de Investigación sobre la Cuenca del Río Balsas

⁴Red Temática Gestión de la calidad y disponibilidad del Agua, CONACyT-México

⁵Laboratorio de Genotoxicología y Mutagénesis Ambiental, CCA, UNAM

⁶Licenciatura en Ciencias Ambientales, Facultad de Agrobiología, UATx

*Autor para correspondencia: xcarechava@hotmail.com

Los efectos ecotoxicológicos de los contaminantes presentes en las aguas superficiales han llegado a ser un tópico de investigación de gran relevancia en la actualidad. Uno de los efectos a evaluar han sido las alteraciones en el material hereditario de los organismos expuestos, empleando diferentes bioensayos y biomarcadores de genotoxicidad. La prueba de micronúcleos (MN) en células meristemáticas de la raíz de *Vicia faba* ha sido de las más aplicadas, ya que han demostrado ser un excelente modelo y biomarcador para detectar agentes con propiedades citogenotóxicas en estudios de biomonitoreo ambiental. En el presente estudio se emplearon para determinar el potencial genotóxico de 5 puntos de muestreo a lo largo del Sistema Hidrológico Atoyac-Zahuapan (SH-AZ), correspondientes a la Cuenca Alta del Balsas, impactada por diversas actividades antropogénicas. Se tomaron muestras de agua superficial en Xalostoc-Atotonilco, Tlaxco, Zona Industrial, entronque con río Zahuapan y la laguna de Atlangatepec, como testigos negativo y positivo se emplearon agua de garrafón y dicromato de potasio (0.5%), respectivamente. Las raíces de *Vicia faba* fueron expuestas durante 4 horas con 18 y 44 h de recuperación a temperatura ambiente y en la oscuridad. A las 18 horas de recuperación las frecuencias de MN observadas fueron: 5.56, 10.72, 5.26, 2.91 y 7.98 para Xalostoc-Atotonilco, Tlaxco, Zona Industrial, entronque con río Zahuapan y la laguna de Atlangatepec, respectivamente. En el mismo orden pero para las 44 horas de recuperación los valores registrados fueron: 4.55, 4.16, 5.55, 6.34 y 3.48. Todos los valores fueron muy superiores al encontrado en los testigos negativos (0.53-0.56) y en algunos casos por arriba del

encontrado en los testigos positivos (4.75-5.01). Los resultados reflejan la contaminación del SH-AZ, con sustancias con capacidad de alterar el material genético, lo que indirectamente indica el impacto genotóxico de las descargas urbanas, agropecuarias e industriales en las aguas superficiales de la Cuenca Alta del Balsas. Es necesario complementar los resultados con estudios fisicoquímicos y analíticos que permitan correlacionar la genotoxicidad con algún componente de las aguas superficiales monitoreadas y puedan ser útiles para mayores investigaciones sobre el impacto ambiental causado por estas aguas.

CIG-SMG 2019-032**POTENCIAL GENOTÓXICO DE ATRAZINE500® EN CÉLULAS SANGUÍNEAS DE RATAS WINSTAR**

Sánchez-Alarcón J^{1,2,3}, Reyes Cerón A¹, Hueletl-Soto ME^{1,2},
Hernández-Huerta AN¹, Valencia-Ayala DH¹, Gómez-Olivares JL^{3,4},
López-Durán RM⁴, Valencia-Quintana R^{1,2,3*}

¹Laboratorio de Toxicología Genómica y Química Ambiental "Rafael Villalobos-Pietrini",
Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala.

Km. 10.5 Autopista San Martín Texmelucan-Tlaxcala S/N, C.P. 90120,
Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, Tlaxcala, México

²Cuerpo Académico Ambiente y Genética UATLX-CA-223

³Red Temática de Toxicología de Plaguicidas CONACyT-UANayarit

⁴Departamento de Ciencias de la Salud.

Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, México

*prvq2004@yahoo.com.mx

El crecimiento poblacional ha contribuido con el aumento en la demanda de alimentos. A su vez, ésta contribuye al empleo indiscriminado de plaguicidas, para el control de plagas y evitar la pérdida de cultivos. Sin embargo, su uso genera riesgos para el ambiente y la salud humana. Atrazine500®, es una fórmula comercial a base de atrazina (550 g i.a./L), que se aplica en cultivos y en áreas donde se requiere controlar la maleza. Aunque su uso ha sido prohibido y restringido en varias partes del mundo, en México se sigue usando sin restricción alguna, en las áreas sembradas con maíz, caña de azúcar y sorgo, principalmente. En el estado de Tlaxcala su empleo sugiere que éste se puede presentar como un potencial contaminante en suelo, aguas superficiales y subterráneas, así como sedimentos de los ríos cercanos a los campos agrícolas. Por tal motivo, se llevó a cabo un estudio *in vivo*, con ratas macho Winstar, en el que dos concentraciones sub-letales de atrazina (50 mg y 100 mg/kg), fueron administradas, por vía oral durante 21 días, a 8 ratas divididas en dos grupos (n=4), con el propósito de determinar el potencial genotóxico de este plaguicida, empleando la prueba del ensayo cometa en células sanguíneas. Se tomaron muestras de sangre total al inicio del experimento, antes de la primera administración del herbicida, y al término del tratamiento en el día 14 después de la última administración y sacrificio. Los resultados muestran la actividad genotóxica de la atrazina al evaluar el momento de la cauda en 100 núcleos de células sanguíneas con el software Comet Assay IV, probablemente como consecuencia de la inducción de estrés oxidante. Los valores encontrados ($X \pm EE$), fueron para el testigo

negativo 0.1217 ± 0.0278 y para los grupos expuestos. 0.5122 ± 0.1520 y 4.8717 ± 1.0453 con 50 mg y 100 mg/kg, respectivamente. Al aplicar la prueba de Mann-Whitney se encuentra una diferencia estadísticamente significativa al comparar los valores encontrados al inicio del experimento y después de 14 días de administración del herbicida. Se recomienda tomar las precauciones pertinentes al manejar este producto.

Agradecimientos: A la Red Temática de Toxicología de Plaguicidas (CONACyT-262284/280045/294303)

CIG-SMG 2019-033**EFFECTOS DE LA EXPOSICIÓN AMBIENTAL A PLAGUICIDAS EN LA COMUNIDAD DE SANTA ANITA EN HUAMANTLA, TLAXCALA**

Sánchez-Alarcón J^{1,2,3}, Valencia-Ayala DH¹, Montiel-González JMR^{1,2},
López-Durán RM⁴, Gómez-Olivares JL^{3,4}, Urióstegui Acosta MO⁵,
Valencia-Quintana R^{1,2,3*}

¹Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Tlaxcala, México

²CA UATLX-CA-223 Ambiente y Genética, UATx, México

³Red Temática Toxicología de Plaguicidas CONACyT-UA Nayarit, México

⁴Departamento de Ciencias de la Salud,

Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa

⁵Escuela Superior de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma de Guerrero

*Autor para correspondencia: xcarechava@hotmail.com

En Tlaxcala, la agricultura es una de las actividades económicas más importantes. Los municipios con mayor superficie sembrada son en primer lugar Huamantla, seguido de Tlaxco, Calpulalpan, Atltzayanca y Hueyotlipan. Entre los productos agrícolas destacados se encuentran maíz, cebada, trigo, frijol, avena para forraje y papa, además de los sembradíos de aguacate, chile y varias frutas. Huamantla es el líder por valor de la producción con 502 mdp y 35.9% de su población ocupada en las actividades primarias. El empleo de plaguicidas para la protección de sus cultivos es un recurso indispensable, representando un riesgo potencial de exposición a sustancias potencialmente peligrosas, que pueden afectar su salud e incluso dañar su material hereditario. La exposición a estos agentes no solo se da de forma directa como en el caso de la actividad laboral sino también de forma indirecta o ambiental debido a la capacidad de algunos de estos compuestos de acumularse en la cadena alimenticia, de ser transportados a grandes distancias por el aire o el agua y depositados lejos de su lugar de aplicación. Por tal motivo, el propósito del presente trabajo fue evaluar el daño genotóxico en una población ambientalmente expuesta a plaguicidas en la comunidad de Santa Anita en el municipio de Huamantla empleando el ensayo cometa en células sanguíneas y compararla con una población con menor actividad agrícola. Todos los participantes fueron informados de los objetivos del proyecto y firmaron un consentimiento informado, después de contestar un cuestionario para determinar algunas características personales. Se analizaron 100 núcleos por individuo en un microscopio de epifluorescencia Zeiss Axio Lab.A1, empleando el programa Comet Assay IV para determinar el momento de la cauda. Los

valores registrados para la población ambientalmente expuesta y la testigo fueron muy similares con promedios de 0.9961 ± 0.1734 y de 1.0092 ± 0.1335 , respectivamente. Aunque hay reportes donde se ha demostrado la capacidad genotóxica de los plaguicidas, los resultados negativos del presente estudio pueden deberse a que la exposición ambiental no fue suficiente para generar daño al DNA, por no ser una actividad intensiva en la zona monitoreada, siendo ésta de temporal.

Agradecimientos: Proyecto respaldado por FOINS CONACyT referencia 3203. A la Red Temática de Toxicología de Plaguicidas

CIG-SMG 2019-034**FRECUENCIA DE MICRONÚCLEOS Y CONTEO LEUCOCITARIO
PARA EVIDENCIAR ESTRÉS POR PERTURBACIÓN AMBIENTAL
EN PASSERIFORMES**

Reyes-Morales PS, Sánchez-Alarcón J, Pérez-Flores GA, Valencia-Quintana R

Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental,
Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala.
CA UATLX-CA-223 Ambiente y Genética, UATx, Tlaxcala.

*Autor para correspondencia: chofis_reloj@hotmail.com; gaperezf@gmail.com

En áreas urbanizadas se ha demostrado aumento de la frecuencia de MN y diferencias en conteo leucocitario en aves, como respuesta a factores estresantes y algunos contaminantes. En Tlaxcala se han realizado investigaciones sobre el efecto genotóxico de contaminantes ambientales, sin embargo, no se ha indagado el efecto de la contaminación en aves de sitios con diferente grado de perturbación. En zonas conurbadas hay poblaciones abundantes de Passeriformes, las cuales han sido utilizadas como biomonitores del deterioro ambiental, por ello, el propósito de este estudio fue evaluar el daño genético y el conteo leucocitario en aves de este orden, de sitios con diferente grado de perturbación. Este último fue determinado con base en el número de habitantes, de autos y de viviendas, así como la distancia del sitio a la carretera federal o autopista más cercana. Para la captura de las aves se utilizaron redes de niebla, se obtuvieron datos morfométricos de éstas y se tomaron muestras de sangre para el conteo leucocitario y de MN. Se monitorearon tres sitios con diferente grado de perturbación: CIU = Campus Ixtacuixtla, con alta perturbación (n=24); EXH = Ex hacienda San Carmen Xalpatlahuaya con mediana perturbación (n=6); y CSM = Cerro San Marcos, San José Teacalco con baja perturbación (n=6). De cada muestra, se analizaron 5000 eritrocitos para determinar la frecuencia de micronúcleos (EMN), así como 100 leucocitos para el conteo leucocitario y el índice heterófilo/linfocito a 100x. Las aves analizadas pertenecen a 9 familias y 16 especies del orden Passeriformes. El sitio con mayor perturbación presentó los valores más altos de MN, en comparación con los otros dos sitios, aunque las diferencias no fueron significativas estadísticamente. Las alteraciones en conteos leucocitarios, con relación a los valores de referencia, fueron evidentes en los tres sitios y en conjunto sugieren estrés en las aves, relacionado con el grado de perturbación de su habitat.

CIG-SMG 2019-035**EL TRIÓXIDO DE VANADIO MODIFICA LOS NIVELES DE EXPRESIÓN DEL GEN *P53* EN CULTIVOS DE LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS *IN VITRO***

Alcántara-Mejía VA, Ocampo-Aguilera NA, Mateos-Nava RA, Rodríguez- Mercado JJ, Álvarez-Barrera L, Altamirano-Lozano MA*

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental, Laboratorio 5 Primer piso de la UMIEZ, FES-Zaragoza, UNAM, Batalla del 5 de mayo esquina Fuerte de Loreto s/n, Col. Ejército de Oriente, C.P. 09230, Iztapalapa, Ciudad de México.

*Autor para correspondencia: maal@unam.mx

El vanadio es un metal emitido de manera natural o por actividad humana al ambiente. Actualmente se le han encontrado diversos usos en la medicina como tratamiento para el cáncer, diabetes, suplementos alimenticios, prótesis y catalizadores entre los que se sintetiza tetraóxido de vanadio (V_2O_4) y trióxido de vanadio (V_2O_3) en sustitución de pentóxido de vanadio (V_2O_5), que es la forma más tóxica. Estudios *in vivo* e *in vitro* han demostrado que el vanadio interactúa con las moléculas biológicas. Particularmente los compuestos con estado de oxidación III como el V_2O_3 , inducen aberraciones cromosómicas numéricas, separación prematura del centrómero, rompimiento sencillo de la cadena de DNA, aumento en el tiempo promedio de proliferación, disminución de los índices mitótico y de replicación y disminución de la expresión de las proteínas que controlan el ciclo celular como ciclina D, E, Cdk 2 y 4. Sin embargo, existen pocos estudios de los efectos que pueda inducir el V_2O_3 sobre los niveles de expresión del gen *P53* en cultivos primarios, por lo que el objetivo de este trabajo fue evaluar la integridad del DNA y del RNA de linfocitos humanos expuestos a 2, 4, 8 o 16 $\mu\text{g/mL}$ de V_2O_3 durante 24, 48 y 72 horas, además del análisis cualitativo del gen *P53*. Para hacer esto posible se realizaron pruebas de viabilidad celular mediante CFDA y Br-Et, se evaluó la pureza y cantidad del DNA y RNA. Asimismo, se realizó la electroforesis horizontal en geles de agarosa para evaluar la integridad de los ácidos nucleicos y mediante RT-PCR se analizó la expresión cualitativa del RNAm del gen *P53*. Los resultados muestran que los diferentes tratamientos no modifican la viabilidad celular, tampoco se observa degradación del RNA o del DNA; con respecto a la expresión del gen, se presentó disminución a las 24 y 72 horas pero

aumentó a las 48 horas. La administración de V_2O_3 modifica los niveles de expresión de *P53* lo cual sugiere que está actuando a nivel de RNA mensajero.

Este trabajo fue desarrollado con el apoyo del proyecto DGAPA PAPIIT IN224916 y PAPIIME PE211918

CIG-SMG 2019-036**EVALUACIÓN DE LA TOXICIDAD EMBRIONARIA Y FETAL
DE RATONES DESCENDIENTES DE HEMBRAS
TRATADAS CON VANADIO (V₂O₄)**

Ocampo-Aguilera NA, Rodríguez-Mercado JJ, Mateos-Nava RA,
Altamirano-Lozano MA, Álvarez-Barrera L*

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN),
Laboratorio 5 PA de la FES Zaragoza UNAM, Batalla 5 de mayo s/n
esquina Fuerte de Loreto, Col. Ejército de Oriente, Iztapalapa
C.P. 09230, Ciudad de México.

Apoyo DGAPA-PAPIIT proyecto IN225216.

*Autor para correspondencia: alvarezbarrereralucila@gmail.com

El vanadio es un contaminante ambiental, del cual algunos estudios han demostrado relación entre la concentración en el medio ambiente y efectos sobre la reproducción y el desarrollo. El vanadio es liberado durante la combustión de petroleos unido al oxígeno formando óxidos, como el tetróxido de vanadio (V₂O₄) del cual se desconocen sus efectos tóxicos durante el periodo de gestación. Debido a lo anterior, se decidió evaluar el efecto del V₂O₄ en ratones descendientes de hembras tratadas durante la preñez. Se formaron 4 grupos de 10 hembras preñadas por grupo: uno testigo al que se le administro vía intraperitoneal agua inyectable y tres a los que se les administró 4.7, 9.3 y 18.75 mg/kg de V₂O₄, respectivamente. Los tratamientos se dieron los días 6, 8, 10, 12, 14 y 16 de gestación. En el día 17 las hembras se sacrificaron y se extrajeron los fetos colocándolos en alcohol etílico al 70% para revisarlos de forma externa en el estereoscopio y después, la mitad de los fetos de cada tratamiento, se le realizó la tinción de hueso (rojo de alizarina) y hueso-cartílago (rojo de alizarina y azul de alciano). Durante los tratamientos se observó que el V₂O₄ provoco en las hembras diarrea, contracción abdominal y en algunas la muerte. En la evaluación externa de los fetos se encontraron extremidades inferiores rotadas, hematomas y daño en la cabeza en el tratamiento de 4.7 mg/kg; para el tratamiento de 9.3 mg/kg, se observó incrementó el número de fetos con protuberancias en la cabeza y con hematomas y en el tratamiento de 18.75 mg/kg las alteraciones encontradas fueron ojos sin parpado, cuello corto, daño en la cabeza y hematomas. En la revisión de huesos, el V₂O₄ causa la ausencia de osificación en el cráneo, así como en esqueleto axial y distal. Con base en los resultados, se puede decir que la administración *in vivo* de V₂O₄ a ratones hembra CD-1 produce toxicidad materna, embriotoxicidad,

fetotoxicidad, anomalías externas y esqueléticas, por lo que bajo las condiciones experimentales empleadas, el V_2O_4 induce efecto teratógeno.

CIG-SMG 2019-037**VARIACIONES EN LAS FLORES Y FRUTOS DE LA PLANTA
Brassica rapa DE CICLO CORTO**

Márquez Becerra C

Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Baja California
Carretera Tijuana-Ensenada #3917, Ensenada, B.C. México 22860
cmarquez@uabc.edu.mx

La planta *Brassica rapa* de ciclo corto, pertenece a la familia Brassicaceae, que incluye especies silvestres como la mostaza. Sus flores silvestres están compuestas por cuatro pétalos amarillos agrupados en forma de cruz. La familia comprende 375 géneros y 3200 especies. Entre las especies destacan cientos de plantas cultivadas como: brocoli, coliflor, col, col de Bruselas, y diversos rábanos. Las plantas de *B. rapa* de ciclo corto, miden de 5 a 25 cm de altura, su ciclo es de 35 a 40 días, no presentan periodo de latencia, pueden crecer en densidades superiores a 1000 plantas por metro cuadrado. Poseen 20 cromosomas y se han identificado numerosos genes como los que producen plantas verdes ó púrpura, con o sin tricomas, entre otros. Los caracteres cualitativos se pueden incluir en pocos grupos discretos. El objetivo de este trabajo es presentar variaciones raras observadas en las flores y los frutos de la planta *Brassica rapa* de ciclo corto. El método consistió en sembrar las semillas obtenidas durante 30 generaciones, bajo condiciones de cámara ambiental, con sustrato orgánico estéril y fertilizado con PKN, a temperatura de 24 ± 2 C°, con 18 horas de luz y 6 de obscuridad. Entre los resultados destacados se muestran los siguientes en relación con el color y tamaño de las flores: color amarillo pálido que está determinado por alelos recesivos, como alterno al amarillo fuerte silvestre, la longitud de los pétalos es variable, puede ser de 2 a 5 mm, que conforman flores de diversos tamaños, el número normal de pétalos es 4, pero ahora se tienen flores con 6 y 8 pétalos, cuya herencia muestra un patrón inestable. La forma normal, ó tipo silvestre del fruto es parecida a ejote alargado, en tanto que las variaciones excepcionales tienen formas de pera y pimiento, y la más rara es globosa. Aunque su patrón de herencia aún no está determinado.

CIG-SMG 2019-038**OSWALD THEODORE AVERY: DE LAS HUMANIDADES AL DNA**

Márquez Becerra C

Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Baja California
Carretera Tijuana-Ensenada #3917, Ensenada, B.C. México 22860
cmarquez@uabc.edu.mx

Oswald T. Avery nació en Canadá en 1877, aunque creció y estudió en Nueva York. Sus primeros estudios orientados a las humanidades los realizó en la Universidad Colgate. Después decide estudiar medicina en la Universidad de Columbia, donde se gradúa en 1904 y a partir de ahí trabaja como médico general. La práctica médica le genera la idea de que pudiera aportar más al tratamiento y prevención de enfermedades si se dedicaba a la Bacteriología. Por ello se emplea en el Laboratorio Hoagland de Brooklyn, que era una institución privada sin igual en los Estados Unidos. Ahí profundizó en los mecanismos químicos asociados a la patogenicidad bacteriana, sus aportaciones estuvieron enfocadas al entendimiento de las infecciones secundarias en la tuberculosis pulmonar. Al contar con reconocimiento, fue contratado por el Instituto Rockefeller para incorporarlo en el programa sobre neumonía que se realizaba en su hospital. A partir de 1913, se dedicó a estudiar el pneumococo *Diplococcus pneumonia*. De esta especie Avery trabajó diversos aspectos, destacando la inmunoquímica de los polisacáridos, por lo cual fue nominado varias veces al premio Nobel entre 1932 y 1942. La otra contribución enorme, fue el descubrimiento del DNA como la molécula portadora de los genes. Este hecho quedó demostrado en los experimentos donde el DNA extraído de bacterias con elevada patogenicidad, era capaz de transformar cepas con baja a alta patogenicidad. Dicho descubrimiento fue comprendido pronto y por esa razón fue candidato al premio Nobel desde 1945, a pesar de que un sector académico dudaba de que las cuatro bases del DNA fueran capaces de contener la información genética. En 1944, Avery contaba con 67 años y preparaba su retiro laboral, ya que en 1943 recibió un nombramiento de investigador emérito. En 1948 deja el Instituto Rockefeller y cambia su residencia a Nashville, Tennessee, donde muere en 1955, a los 78 años. Existen interrogantes acerca del porqué Avery no recibió el premio Nobel y las respuestas son diversas.

CIG-SMG 2019-039**A 50 AÑOS DE LAS BANDAS EN CROMOSOMAS METAFÁSICOS:
CASPERSSON Y LAS BANDAS Q**

Márquez Becerra C

Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Baja California
Carretera Tijuana-Ensenada #3917, Ensenada, B.C. México 22860
cmarquez@uabc.edu.mx

Durante las primeras décadas del siglo XX, el estudio de los cromosomas estuvo orientado a determinar el número de cromosomas de las especies. Las técnicas empleadas incluían cortes histológicos, aplastamiento de tejidos, aplicación de colchicina y tinciones homogéneas. En la década de los cincuenta se introduce el choque hipotónico y poco después los cultivos de células y los mitógenos. Después los estudios citogenéticos incluyeron las constantes básicas: número, forma y longitud de los cromosomas. A pesar de los logros técnicos, existían limitaciones para distinguir cromosomas homólogos, no era fácil observar las inversiones o pequeñas deleciones. Por ello fue revolucionario el descubrimiento de las bandas Q realizado por Caspersson y colaboradores que en 1968 publicaron una técnica consistente en aplicar mostaza de quinacrina a los cromosomas de *Vicia faba* y al utilizar microscopía de fluorescencia, observaron que mostraban un patrón de bandas específico. Tal descubrimiento no generó una respuesta entusiasta de los citogenetistas y fue hasta que el mismo Caspersson y su equipo demostraron entre 1969 y 1970, que la técnica era aplicable a las células humanas. Ellos también mostraron entre 1970 y 1972, a través de varias publicaciones que las bandas Q permitían evidenciar las anomalías cromosómicas asociadas a padecimientos diversos. Así mismo, evidenciaron que existía variabilidad cromosómica en el nivel bandas, que después se denominó heteromorfismo y polimorfismo cromosómico. El trabajo desarrollado por Caspersson y colaboradores entre 1968 y 1972 tuvo un efecto de largo alcance en la Citogenética ya que motivó a que otros investigadores exploraran nuevas técnicas para hacer visibles distintas regiones de los cromosomas y fue así como durante la década de los setenta surgieron las bandas G, R, T, C, Cd y Nor. Tales avances a su vez fueron aplicados al estudio de padecimientos de origen genético, en biología de cáncer, en la identificación de los polimorfismos en las poblaciones y en la comparación de las especies.

CIG-SMG 2019-040**EFFECTO DE LA ADMINISTRACIÓN DEL PENTÓXIDO DE VANADIO (V₂O₅) SOBRE LOS NIVELES DE LAS PROTEÍNAS CHK1 Y CHK2 DE LOS LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS *IN VITRO* Y SU REPERCUSIÓN SOBRE LAS FASES DEL CICLO CELULAR**

Frías-Jiménez E^{1,2}, Mateos-Nava RA, Rodríguez-Mercado JJ, Álvarez-Barrera L, Valle-Mendiola A, Altamirano-Lozano MA*

¹Facultad de Estudios Superiores Zaragoza. Batalla de 5 mayo S.N. Esquina con fuerte de Loreto, Col. Ejército de Oriente, Iztapalapa C.P. 09230 CDMX.

²Posgrado en Ciencias Biológicas. Cto. De los Posgrados S/N, C.U., 04510 Ciudad de México, CDMX

*Autor para correspondencia: maal@unam.mx

El vanadio (V) es un metal que, liberado al ambiente a través de procesos naturales y antropogénicos. Los seres humanos están expuestos a éste principalmente por los alimentos que consume y de manera natural a través del aire. En cultivos *in vitro*, se ha demostrado que retrasa la proliferación, esto evidenciado de manera citogenética. Además, el V interactúa con diferentes moléculas biológicas, siendo sus compuestos potentes inhibidores de algunas cinasas y fosfatasa como lo son Chk1 y Chk2. Por este motivo en este trabajo se evaluó el efecto del V₂O₅ sobre los niveles de expresión de las proteínas Chk1 y Chk2 de los linfocitos humanos tratados *in vitro* durante 3, 24, 48 o 72 horas con concentraciones de 8, 16 o 32 µg/mL de V₂O₅. Para ello se obtuvieron muestras de sangre de tres sanos de la que se separaron los linfocitos y se realizaron los cultivos. Primero, se determinó la viabilidad celular mediante fluorocromos y posteriormente se evaluó el contenido de ADN por citometría de flujo para conocer si había cambios en las fases del ciclo. Finalmente se analizaron los niveles de expresión de las proteínas Chk1 y Chk2 por la técnica de Western blot. Los resultados mostraron que la administración de V₂O₅ no modificó la viabilidad de las células. Con respecto al contenido de ADN, se observó disminución en la fase G1 y aumento en S para las 3 y 24 horas. Finalmente, a las 48 y 72 horas se presentó aumento para todas las concentraciones en G1 y disminución en S. Para el caso de los niveles de expresión de Chk1 y Chk2 podemos observar que a las 3, 24, 48 y 72 horas se presentó aumento en todas las concentraciones, sin ser estadísticamente significativo. Con base en lo anterior, se puede mencionar que la administración de V₂O₅ a linfocitos humanos no induce cambios en la viabilidad celular, pero provoca aumento sobre el contenido de ADN en

la fase G1 a las 48 y 72 horas. Con respecto a los niveles de expresión de las proteínas, estas aumentan en todos los tiempos de exposición.

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