

REVista INTERNacional de  
**CONTAMinación**  
**AMBIEntal**

**volumen 39, 2023**

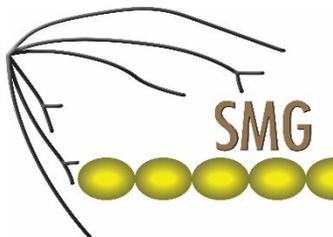
<http://www.revistas.unam.mx/index.php/rica/>

MEMORIAS

**CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2023**  
**EN EL MARCO DE LOS 50 AÑOS DE LA FUNDACIÓN DE LA UNACH**  
**Y DE LOS 40 AÑOS DE LA REACTIVACIÓN DE LA SMG**

Editores

JUANA SÁNCHEZ-ALARCÓN  
VICTORIA CAMPOS-PEÑA  
YOALI PÉREZ-ZEMPOALTECA  
GUILLERMO ALEJANDRO PÉREZ-FLORES  
JOSÉ MARIANO RIGOBERTO MONTIEL-GONZÁLEZ  
SAÚL MENDIETA MENDIETA  
HIPÓLITO MUÑOZ-NAVA  
JOSÉ ADRIÁN RENÉ GRADA YAUTENZI  
RAFAEL VALENCIA-QUINTANA



DOI: <https://doi.org/10.20937/RICA.2023.39.SMGM>



**REVista INTERNacional de**  
**CONTAMinación**  
**AMBIEntal**

**volumen 39, 2023**

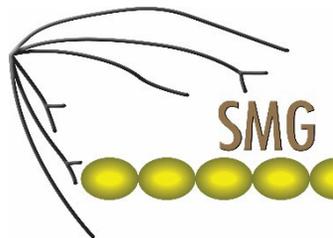
ISSN – 0188 4999

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

MEMORIAS

**CONGRESO NACIONAL DE GENÉTICA 2023**

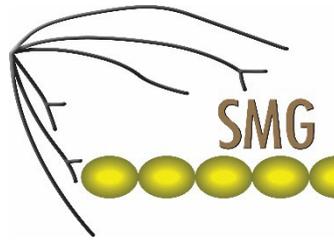
**EN EL MARCO DE LOS 50 AÑOS DE LA FUNDACIÓN DE LA UNACH  
Y DE LOS 40 AÑOS DE LA REACTIVACIÓN DE LA SMG**



**SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA**

DOI: <https://doi.org/10.20937/RICA.2023.39.SMG>





# LA SOCIEDAD MEXICANA DE GENÉTICA A.C.

INVITA AL



**ALAG**  
21 AL 24  
DE OCTUBRE 2024  
GUADALAJARA, MÉXICO

Las poblaciones y los recursos genéticos latinoamericanos, a 100 años de la genética de poblaciones

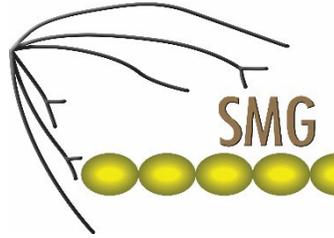
XIX Congreso Latinoamericano de Genética  
Congreso Nacional de Genética 2024 de la Sociedad Mexicana de Genética  
LII Congreso Argentino de Genética  
LVII Reunión Anual de la Sociedad de Genética de Chile  
II Congreso Paraguayo de Genética  
IX Congreso de la Sociedad Uruguaya de Genética  
V Congreso de la Red Latinoamericana de Genética Humana-RELGH

PARA MAYORES INFORMES CONSULTE LAS SIGUIENTES PÁGINAS

[Home - ALAG 2024 \(alagenet.org\)](http://alagenet.org)

[PRESENTACIÓN DE GUADALAJARA - ALAG 2024 \(alagenet.org\)](http://alagenet.org)

# MESA DIRECTIVA SMG 2021-2023



**M en C. Irma Elena Dueñas García**  
Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM  
Presidenta

**Dra. Juana Sánchez Alarcón**  
Facultad de Agrobiología, UATx, Tlaxcala  
Vicepresidente

**M en C. Luis Felipe Santos Cruz**  
Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM  
Secretario

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

**Dr. Edgar Hernández Zamora**  
Instituto Nacional de Rehabilitación; CDMX

**Dra. Josefina Cortés Eslava**  
Instituto de Ciencias de la Atmósfera y Cambio Climático, UNAM

**Dr. Alejandro Ángeles Espino**  
División de Ciencias Agronómicas, UdeG, Jalisco

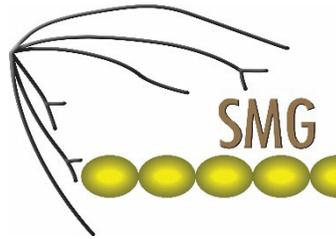
**Dr. Guillermo Bojórquez Rangel**  
Instituto de Ciencias Biomédicas, UACJ, Chihuahua.

**Dr. Juan Flores Gracia**  
División de Estudios de Posgrado e Investigación, ITCV, Tamaulipas.

Vocales



# INSTITUCIONES ORGANIZADORAS CNG 2023



## Universidad Autónoma de Chiapas, UNACH Facultad Maya de Estudios Agropecuarios, FMEA

**Dr. Carlos Faustino Natarén Nandayapa**  
Rector de la Universidad Autónoma de Chiapas

**Dr. Rubén Monroy Hernández,**  
Director de la Facultad Maya de Estudios Agropecuarios de la UNACH

**Mtro. Sergio Ramos Jiménez**  
Secretario Académico FMEA

**Dr. Facundo Sánchez Gutiérrez**  
Coordinación de Extensión y Vinculación FMEA  
Coordinación de Investigación y Posgrado FMEA

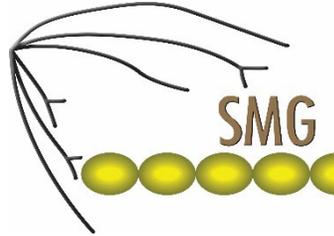
**Dr. Bulmaro Méndez Arguello**  
Coordinación de Estancia Profesional y Servicio Social FMEA

**Dra. Abisag Antonieta Avalos Lázaro**  
Coordinación de Movilidad e Intercambio Académico FMEA  
Coordinación de Diseño Curricular FMEA

**Dr. José Juan Zúñiga Aguilar**  
Coordinación de Planeación FMEA



# INSTITUCIONES ORGANIZADORAS CNG 2023



## Sociedad Mexicana de Genética A.C.

M en C. Irma Elena Dueñas García

Dra. Juana Sánchez Alarcón

M en C. Luis Felipe Santos Cruz

Dra. Victoria Campos Peña

Dr. Edgar Hernández Zamora

Dra. Josefina Cortés Eslava

Dr. Alejandro Ángeles Espino

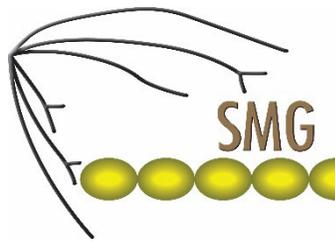
Dr. Guillermo Bojórquez Rangel

Dr. Juan Flores Gracia

Dr. Juan Florencia Gómez Leyva



# COMITÉ ORGANIZADOR DEL CNG 2023 POR LA FMEA-UNACH Y LA UJAT



## **Dra. Arelly Bautista Gálvez**

Representante de los Cuerpos Académicos y Grupos Colegiados de la FMEA-UNACH

## **Dr. Rubén Monroy Hernández**

Director de la Facultad Maya de Estudios Agropecuarios de la UNACH

## **Dra. Abisag Antonieta Avalos Lázaro**

Coordinadora Académica de la Licenciatura en Seguridad Alimentaria

## **Dra. Epifanía Lozano López**

Cuerpo Académico "Biodiversidad y Desarrollo Sustentable"

## **Dra. Nadia Florencia Ojeda Robertos**

Cuerpo académico "Producción Agropecuaria en el Trópico Húmedo" UJAT

## **Dra. Santa Dolores Carreño Ruiz**

Coordinadora de Ingeniería Agroindustrial FMEA-UNACH

## **Dr. Armando Gómez Vázquez**

Cuerpo académico "Producción Agropecuaria en el Trópico Húmedo" UJAT

## **Dr. Daniel Pérez Pascual**

Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería, Campus Palenque (UPIIP-IPN) y FMEA-UNACH

## **Dr. Facundo Sánchez Gutiérrez**

Secretario del Comité de Investigación y  
Posgrado de la Facultad Maya de Estudios Agropecuarios de la UNACH

## **Dr. Froylan Rosales Martínez**

Coordinador Académico de Medicina Veterinaria y Zootecnia

## **Dr. José Juan Zúñiga Aguilar**

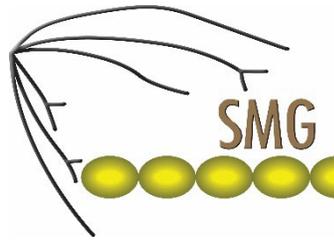
Grupo Colegiado "Biotecnología Agropecuaria Sustentable del Trópico" (BAST)

## **Dr. Victorio Moreno Jiménez**

Coordinador Académico de Ingeniero Agrónomo



# CUERPOS ACADÉMICOS Y GRUPOS COLEGIADOS PARTICIPANTES EN LA ORGANIZACIÓN DEL CNG 2023



**Biodiversidad y desarrollo sustentable, FMEA-UNACH**



**Biotecnología Agropecuaria Sustentable del Trópico" BAST, FMEA-UNACH**



**Desarrollo Sustentable Agroalimentario, UJAT**



**Ganadería sustentable y cambio climático, FMEA-UNACH**



**Innovación Biotecnológica Agropecuaria Sustentable, FMEA-UNACH**

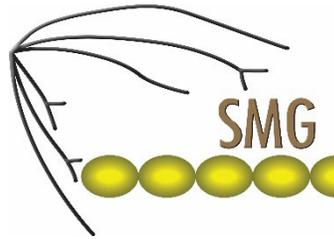
Producción Agropecuaria en el Trópico Húmedo



**Producción Agropecuaria en el Trópico Húmedo, UJAT**



## COMITÉ CIENTÍFICO DEL CNG 2023



Dr. Alejandro Ángeles Espino  
Dr. Benito Donato Minjarez Vega

**CUCBA, Universidad de Guadalajara**

Dra. Juana Sánchez Alarcón  
Dr. Pedro Rafael Valencia Quintana

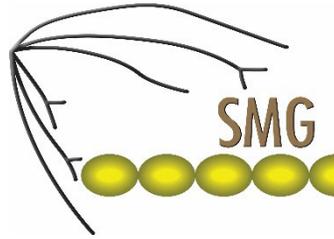
**Facultad de Agrobiología, Laboratorio de Toxicología Genómica y Química  
Ambiental, CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223  
UATx, Tlaxcala**

Dr. Elias Piedra Ibarra  
M. en C. Irma Elena Dueñas García  
Dr. Jorge Eduardo Campos Contreras  
Dr. Juan Alberto Ponciano Gómez  
M. en C. Lourdes Jocelyn Jacinto Estanes  
M. en C. Luis Felipe Santos Cruz  
M. en C. María Eugenia I. Heres y Pulido  
Dra. Martha Martínez García  
Dra. Myriam Campos Aguilar  
Dr. Santiago Cristóbal Sigríst Flores

**Facultad de Estudios Superiores, Iztacala, UNAM**



## COMITÉ CIENTÍFICO DEL CNG 2023



Dr. Juan José Rodríguez Mercado

**Facultad de Estudios Superiores, Zaragoza, UNAM**

Dra. Arely Bautista Gálvez

Dr. José Juan Zúñiga Aguilar

**Facultad Maya de Estudios Agropecuarios, UNACH**

Dr. Edgar Hernández Zamora

**Instituto Nacional de Rehabilitación; CDMX**

Dra. Josefina Cortes Eslava

**Instituto de Ciencias de la Atmósfera y Cambio Climático, UNAM**

Dr. Juan Florencio Gómez Leyva

**Instituto Tecnológico de Tlajomulco, Jalisco**

Dr. Juan Flores Gracia

**Instituto Tecnológico de Ciudad Victoria, Tamaulipas**

Dra. Edith Cortés Barberena

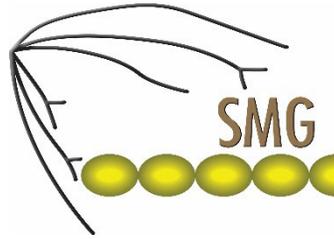
**Universidad Autónoma Metropolitana, Iztapalapa**

Dr. Armando Gómez Vázquez

**Universidad Juárez Autónoma de Tabasco**



# AGRADECIMIENTOS CNG 2023



Sociedad Cooperativa Industrial Café Yajalon S. C. L.

C. María Fernanda Dorantes Núñez  
Presidenta Municipal de Catazajá, Chiapas

C. Jorge Cabrera Aguilar  
Presidente Municipal de Palenque, Chiapas

Marimba de Catazajá, Chiapas  
Marimba de Emiliano Zapata, Tabasco

Estudios Yevco

CA Ambiente y Genética UATLX.CA.223



INSTITUTO MEXICANO DE ESTUDIOS AGROPECUARIOS



GRUPO ACADÉMICO CONSOLIDADO UJAT-CA-227



GRUPO COLEGIADO GASUCC



GRUPO COLEGIADO INBAS



GRUPO COLEGIADO BAST

Producción Agropecuaria en el Trópico Húmedo



UNIVERSIDAD JUÁREZ AUTÓNOMA DE TABASCO



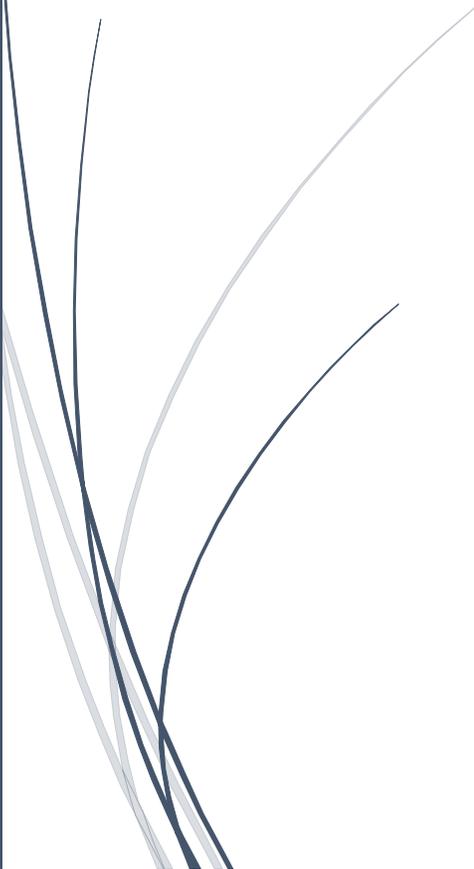
BIODES





CNG 2023

# Índice de autores



Rev. Int. Contam. Ambie. 39

DOI: <https://doi.org/10.20937/RICA.2023.39.SMGM>

Autor	Página
<b>A</b>	
Aguillón Gutiérrez D.R.	74
Ahuactzi-Cortes H.	124, 128, 166
Alarcón Herrera N.	110
Alcántara Mejía V.A.	92, 108
Alday Montañez F.D.	73, 157
Alonso-Mendoza V.M.	36
Altamirano Lozano M.A	92
Alvarado-Robles B.	36
Álvarez-Barrera L.	79, 92, 107, 108, 111, 123, 146, 151, 155
Alvarez-González C.A.	15, 29
Álvarez-González I.	132, 144
Álvarez-Hernández H.A.	121
Alvarez-Moya C.	89, 90
Alvarez-Villagómez C.S.	29
Antonio-Guzmán J.A.	83
Aragón J.	71
Arcos Diaz H.A.	134
Arcos Gómez D.A.	159
Arenas Cordero L.M.	87
Arenas E.	149
Arenas-Sánchez H.	126
Arias Jiménez J.D.	135
Arias Zapata D.A.	116
Asencio-Alcudia G.G.	15, 29
Ávila-Acevedo J.G.	96

**B**

Badal De La Cruz J.J.	141
Barbosa Jasso M.P.	84, 91
Bautista Galvez A.	152
Beltrán Flores A.A.	108
Bergez Hernández F.A.	84, 91
Beristain-Ruiz D.M.	36
Bojorquez Rangel G.	139
Buendía Rodríguez E.	113

**C**

Cabrera Nájera L.E.	147
Cambrano Ballina S.J.	152
Campos Aguilar M.	19, 75, 76
Campos García V.E.	72
Campos-Peña V.	164
Cano Sánchez J.	60
Cappello García S.	33, 116, 142
Carballo-Ontiveros M.A.	112
Carrasco Morán D.A.	85
Carrasco Urrutia V.J.	73, 157
Carreño Ruiz S.D.	116, 142
Carrillo-Romo F.J.	132
Casas Avila L.	12, 56, 93
Casas Fernández A.	72
Castañeda-Partida L.	14, 61, 75, 76, 86, 96
Castañeda-Sortibrán A.N.	112
Castañón-Nájera G.	48

Autor	Página
Castillo-Quevedo J.P.	123
Cervantes Ríos E.	114, 150, 153
Chirino Galindo G.	147
Cime Castillo J.	3
Claudio Piedras F.	3
Consuelo Salas L.	16
Contreras Ortiz L.E.	148
Corona-Torres T.	82
Cortés-Barberena E.	153
Cortés-Eslava J.	80
Cruz Hernández L.	144
Cruz Vallejo V.L.	88, 114
Cruz-Maya J.A.	121
Cuevas Covarrubias S.A.	148

## **D**

de la Rosa-García S.C.	29
De La Torre Moreno, A.	140
Díaz Barriga Arceo S.	74, 87
Diaz Cerino H.J.	141
Diaz Hernández F.M.	141
Dickens Terrazas D.	73, 157
Dueñas García I.E.	61, 75, 76, 86, 96
Durán-Díaz A.	61, 96

## **E**

Eligio García L.	9, 60
Escobedo Contreras V.J.	139

Autor	Página
Espinosa-García L.	132
Espinoza Sánchez H.B.	134
Estrada Hernández D.C.	142

## **F**

Fernández-Badillo L.	78
Figueroa Millán J.V.	36
Flores A.	113
Flores Ayala E.	113
Flores Cruz J.E.	138
Flores Maya S.	110
Flores-García Y.	101, 124, 126, 128, 166
Flores-Hernández, F.Y.	95
Flores-Martínez B.A.	82
Fonseca Coronado S.	72
Franco Molina M.A.	7
Franco Sandoval L.O.	60
Frías Álvarez B.A.	141
Frías Vázquez S.	2

## **G**

Galaviz M.A.	29
Gálvez-Muñoz Y.A.	48
García Laynes S.	49
García Tovar C.G.	87
García-Aguilar K.S.	82
García-Bores A.M.	96
García-García J.D.	132

Autor	Página
García-Juárez J.A.	123
García-Murillo A.	132
García-Torres E.	162
García-Zavala J.J.	82
Garduño Solórzano G.	109
Gaytán-Oyarzun J.C.	78, 160
Godoy-Hernández G.	118
Gómez Martínez S.A.	138
Gómez-Arroyo S.	80
Gómez-Leyva J.F.	81, 95
Gómez-Olivares J.L.	130
González Cortés N.	152
González Huerta L.M.	57, 138, 148, 154
González López K.	84, 91
González-Gutiérrez A.M.	150, 153
González-Huerta N.C.	43
González-Reyes M.	71
Gregorio-Jorge J.	128, 166

## H

Heres y Pulido M.E.I.	61, 75, 76, 86, 96
Hernández Baltazar J.R.	85
Hernández Calderón M.L.	74, 77
Hernández Cervantes E.	105
Hernández Flores C.	144
Hernández Montiel W.	39
Hernández Sánchez C.I.	156
Hernández Zamora E.	1, 56, 85, 93
Hernández-Atonal J.	105

Autor	Página
Hernández-Cid L.S.	160
Hernández-Córdova K.N.	79
Hernández-Guerrero C.	149
Hernández-Gutiérrez, R.	95
Hernández-Jiménez M.F.	149
Hernández-Lozada A.S.	160
Hernández-Luis F.	61
Hernández-Méndez J.G.	98, 99, 100
Hernández-Rodríguez M.	82
Hernández-Zamora E.	43, 55
Hidalgo Bravo A.	24

## **I**

Ibarra-Bautista A.	78
Irigoyen Arredondo M.J.	84, 91

## **J**

Jan-Roblero J.	121
Jiménez Cardoso E.	60
Jiménez Flores J.R.	75, 76
Jiménez García A.	135
Jiménez Pérez L.Y.	100
Jiménez-Guillen D.	5, 27, 98, 99, 100, 103, 118, 159
Jiménez-Martínez L.D.	15, 29, 94
Juárez-López, B.A.	146

## **L**

Landero Perez Y.	140
------------------	-----

Autor	Página
Lázaro Ávalos A.A.	142
Lazaro Ojeda K.	140
Leyva López D.L.	136
Licona-Aguilar B.G.	80
Lira-Amaya J.J.	36
Lobato-Ortíz R.	82
López Arias C.J.	136
López Cazares A.S.	84, 91
López de Dios R.D.	116
López López E.Y.	103
López M.I.	65
López Rodríguez M.A.	135
López Velázquez M.M.	31
López-Calderón D.	104
López-Durán R.M.	130
López-Hernández-A.	104
López-Herrera M.	78
López-Lanuza A.	107, 146, 151
López-Martínez M.I.	82
Lopez-Muraira I.G.	81, 95
López-Ramírez I.	82
López-Torres J.	130

## **M**

Madrigal-Bujaidar E.	132, 144
Madrigal Santillán E.O.	144
Márquez Becerra C.	51
Martínez Camberos A.P.	84, 91
Martínez Canseco C.J.	144

Autor	Página
Martínez García M.	109
Martínez Martínez A.	73, 157
Martínez Peregrino B.B.	156
Martínez Rodríguez M.	136
Martínez-Burguete T.	29
Martínez-Castro N.	149
Martinez-Escobar A.	83
Martinez-Flores H.	81
Martínez-García M.	110
Martínez-García R.	15, 29
Martínez-López R.	118
Martínez-Valdez M.G.	115
Mascorro-Gallardo J.O.	52
Mateos Nava R.A.	79, 92, 107, 108, 111, 123, 146, 151, 155
Medrano-Zapata E.M.	44
Mejia-Carmona G.E.	73, 157
Melchor-Flores J.D.	82
Méndez García L.A.	161
Méndez González J.	113
Méndez Peñate M.C.	103
Mendoza-Martínez C.	61
Mercado Márquez C.	87
Miguel Solorza L.F.	109
Minor-Caballero A.E.	128
Molina Jaso D.	77
Monroy Hernández R.	5
Montañez C.	71
Montiel-González J.M.R.	105
Morales García, V.	94

Autor	Página
Morales Hernández K.L.	84, 91
Morales Pérez Z.	156
Morales y Ramírez P.	17, 88, 114
Morales-García V.	15
Moreno Hernández V.	5
Muñoz García C.I.	13

## **N**

Nafate López O.	68
Nexpanco N.Y.	123
Núñez-Ledezma D.	112

## **O**

Ocampo Aguilera N.A.	92, 161
Ocaña Domínguez J.D.	136
Ochoa Díaz-López H.	63
Octavio-Aguilar P.	160
Orozco Colín E.D.	150
Ortega Peña S.	45
Ortiz Campuzano E.A.	134
Ortiz Montiel P.I.	136
Ortiz-Muñiz A.R.	114, 150, 153
Ovando Cupil C.M.	141
Ovando Ricardez A.E.	140

## **P**

Palomar Morales M.	147
Paniagua-Pérez R.	132, 144

Autor	Página
Pech-Uc R.A.	99, 159
Pereira F.	72
Pérez Pascual D.	5, 103
Pérez Sánchez C.	136
Pérez-Flores G.A.	130, 162
Perezgrovas Garza R.A.	72
Pérez-Jiménez G.M.	29
Pérez-Pascual D.	6, 98, 99, 100, 104, 115, 118, 120, 134, 159
Pérez-Ruíz R.V.	82
Pérez-Zempoalteca Y.	124, 162
Piedra Ibarra E.	42, 61, 75, 76
Pineda Ojeda T.	113
Plata Franco M.A.	77
Ponciano Gómez J.A.	75, 76
Portilla-Montero M.E.	120
Prasad Rout N.	109
Preciado-Medina E.A.	81
Puerto-Pérez G.A.	120
Pulido-Flores G.	78

## Q

Quintana Armenta A.	144
Quiterio-Sánchez M.	155

## R

Ramírez Flores J.A.	166
Ramírez García A.R.	47
Ramírez Mora E.	156

Autor	Página
Ramírez-Vera S.	48
Ramón Ugalde J.	39
Ramón-Gallegos E.	83
Recio Totoro B.	3
Regalado-Noyola, Y.J.	95
Rendón A.	71
Reyes Legorreta C.	144
Reyes Maldonado E.	56, 93
Reyes-Cerón A.	126
Reyes-Gutiérrez A	115
Reynoso-Silva M.	89, 90
Ricárdez Torres C.J.	116
Rivera Vega M.R.	138, 148
Rivera Villatoro J.L.	40
Rivero Morales O.A.	109
Robles Escajeda E.	56, 73, 93, 157
Rodríguez Páez L.I.	60
Rodríguez Perez C.	33, 116, 135, 141, 142, 156
Rodríguez Pérez J.E.	53
Rodríguez Salazar T.L.	138
Rodríguez-Herrera A.K.	120
Rodríguez-Mercado J.J.	79, 92, 107, 108, 111, 123, 146, 151, 155
Rodríguez-Tlatelpa L.C.	105, 126 128, 164
Romo-Gómez C.	78
Romo-Yañez J.	71
Rosales Martínez R.	21
Rugerio-García C.R.	101
Ruiz Rosano L.	144
Ruiz-Gil P.J.	8

Autor	Página
Ruiz-Sánchez E.	164

## S

Salmorán Rosas A.	101
Salvador-Muñoz A.	101, 124, 126
Sánchez Barbosa T.	164
Sánchez Chapul L.	144
Sánchez López J.M.	86
Sánchez-Alarcón J.	87, 101, 105, 124, 126, 128, 130, 162, 164, 166
Sánchez-Trujillo A.	71
Santos-Cruz L.F	61,75, 76, 86, 96
Saucedo Campos A.D.	75, 76
Schiffner González A.	149
Scotta Hentschke G.	109
Segura Castruita M.A.	81
Segura Miranda C.M.	156
Sepúlveda-Quiroz C.A.	29
Serrano-Nava D.	166
Sesma Arreola I.L.	139
Sesman Bernal C.	23
Sigríst Flores S.C.	75, 76
Solleiro Villavicencio H.	161

## T

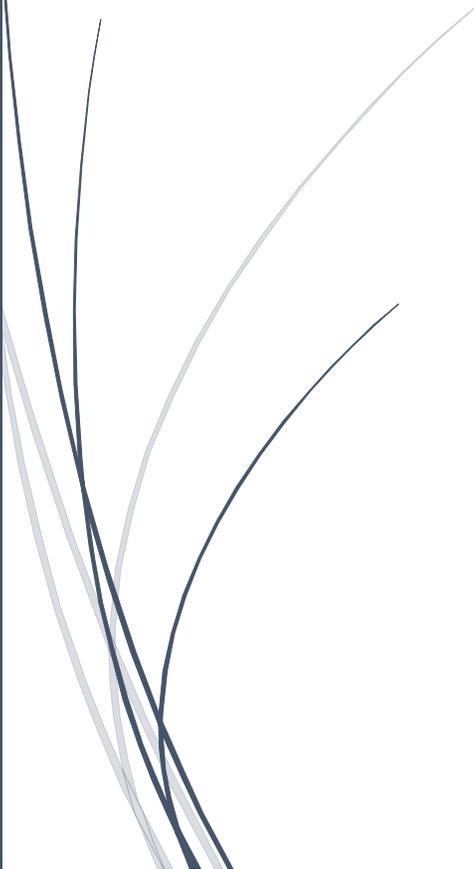
Teruel-Belismelis G.	149
Toral López J.	58, 138, 148, 154
Torres Córdova V.C.	135
Torres León N.	141

Autor	Página
Torres-de la Cruz M.	22
Tovar-Ramírez D.	29
<b>U</b>	
Urueta Cuellar H.	148
<b>V</b>	
Vaillend C.	71
Valdez Mijares R.	144
Valencia-Quintana R.	87, 101, 105, 124, 126, 128, 130, 162, 164, 166
Vallarino Kelly T.	88
Vargas V.	3
Vázquez-Cuevas G.M.	78
Velázquez Ramírez D.D.	63
Velázquez-Ulloa N.A.	86
Villalba Guerrero K.	154
Viscaya Santillán A.A.	111
Vital-García C.	36
<b>Z</b>	
Zamora Bustillos R.	39
Zapata Sánchez P.N.	135
Zetina Alamilla F.	103
Zúñiga Rodríguez F.G.	66
Zúñiga-Aguilar J.J.	5, 118



CNG 2023

# Índice de Instituciones



Rev. Int. Contam. Ambie. 39

DOI: <https://doi.org/10.20937/RICA.2023.39.SMGM>

Institución Página

## A

Academia de Ingeniería Agroindustrial. Facultad  
Maya de Estudios Agropecuarios, Universidad  
Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque  
Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México. 100

Academia de Ingeniería Biotecnológica, Unidad 98, 99, 100, 103,  
Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus 104, 120, 134,  
Palenque-Instituto Politécnico Nacional, Carretera 159  
Palenque-Pakal-Na, Centro. C.P. 29960, Palenque,  
Chiapas

Academia de Ingeniero Agrónomo. Facultad Maya 115  
de Estudios Agropecuarios, Universidad Autónoma  
de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque km. 4 C.P.  
29980, Catazajá, Chiapas, México.

Academia de Medicina Veterinaria y Zootecnia, 120  
Facultad Maya de Estudios Agropecuarios.  
Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera  
Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá,  
Chiapas, México.

## B

Biology Department, Lewis & Clark College, 86  
Portland, OR, USA.

## C

CENID-Salud Animal e Inocuidad, INIFAP, Carretera 36  
Cuernavaca-Cuatla No. 8534, Jiutepec 62550,  
Morelos, México

Institución	Página
Centro de Estudios e Investigaciones Interdisciplinarios. Universidad Autónoma de Coahuila.	74, 77
Centro de Investigación Científica de Yucatán CICY	49
Centro de Investigación Científica de Yucatán. Unidad de Bioquímica y Biología Molecular de Plantas, Mérida, Yucatán, México.	118
Centro de Investigación e Innovación Tecnológica, Instituto Politécnico Nacional, Ciudad de México, México.	132
Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, Av. Normalistas 800, Colinas de La Normal, 44270 Guadalajara, Jal.	95
Centro de Investigación y de Estudios Avanzados, Departamento de Biomedicina Molecular, Programa de Doctorado.	164
Centro Médico ISSEMyM Ecatepec	154
<i>CIATEJ, A.C.</i>	109
CIIMAR, Oporto.	109
Clínica de Enfermedades Lisosomales del Hospital de Especialidades Pediátricas, CRAE Ciudad Salud en Tapachula, Chiapas	23
Colegio de Postgraduados Campus Montecillo, Texcoco, Estado de México.	82
Comité Sectorial Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura.	40
CONAHCyT-Comisión Nacional del Agua. Av. Insurgentes Sur 1582, Col. Crédito Constructor, Del. Benito Juárez, 03940, Ciudad de México, México.	

Institución	Página
Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología-Comisión Nacional del Agua. Av. Insurgentes Sur 1582, Col. Crédito Constructor, Del. Benito Juárez, 03940, Ciudad de México, México.	166
Coordinación Académica de Medicina Veterinaria y Zootecnia, FMEA, UNACH	21
 <b>D</b>	
Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares	17
Departamento de Ciencias Veterinarias. Instituto de Ciencias Biomédicas. Universidad Autónoma de Cd. Juárez. Anillo envolvente del PRONAF y Estocolmo s/n. Zona PRONAF. CP32310. Cd. Juárez, Chihuahua, México.	36
Departamento de Farmacia, Facultad de Química-UNAM. Av. Universidad 3000, Ciudad de México, México.	61
Departamento de Fitotecnia e Instituto de Horticultura de la Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, Edo. de México.	52, 53
Departamento de Genética y Biología Molecular, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (CINVESTAV), Mexico City, Mexico.	71
Departamento de Genética, Hospital General de México Dr. Eduardo Liceaga.	138
Departamento de Investigación en Medicina Genómica, Instituto Nacional de Rehabilitación Luis Guillermo Ibarra Ibarra.	93

Institución	Página
Departamento de Producción Agrícola y Animal, Universidad Autónoma Metropolitana – unidad Xochimilco	13
Dirección de Enseñanza, Planeación e Investigación del Centro Regional de Alta Especialidad de Chiapas	65
Dirección General de Divulgación de la Ciencia, Circuito Cultural de Ciudad Universitaria S/N, Coyoacán, Cd. Universitaria. C.P. 04510. Ciudad de México.	85
División Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Carretera Villahermosa-Cárdenas Km. 0.5 S/N, Ranchería Emiliano Zapata, 86150 Villahermosa, Tabasco.	22, 33, 48, 116, 142
División Académica Multidisciplinaria de Comalcalco, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. C.P. 86150. Comalcalco, Tabasco, México.	15
División Académica Multidisciplinaria de Jalpa de Méndez, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Carretera Estatal Libre Villahermosa-Comalcalco, Km. 27+000 s/n Ranchería Ribera Alta, C.P. 86205, Jalpa de Méndez, Tabasco, México.	15, 116, 142
 <b>E</b>	
Endofem Av. Campos Eliseos 9371, Campos Elíseos, Consultorio 565, 32472.	157
Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional.	93
Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional. Manuel Carpio, Plutarco Elías Calles, Miguel Hidalgo, 11350 Ciudad de México, CDMX.	121

Institución	Página
Escuela Nacional de Ciencias Biológicas-IPN. Campus Zacatenco. Unidad Profesional "Adolfo López Mateos", Calle Wilfrido Massieu esquina Cda. Manuel Stampa Zacatenco, Del. Gustavo A. Madero, C.P. 07738, México, Ciudad de México.	83
 <b>F</b>	
Facultad de Agrobiología, UATx, Tlaxcala	87, 101, 105, 124, 126, 128, 130, 162, 164, 166
Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Autónoma de Nuevo León	7
Facultad de Ciencias, UABC, Ensenada, B.C., México C.P. 22820	51
Facultad de Ciencias, UNAM. Investigación Científica, C.U., Alcaldía Coyoacán, C.P. 04510. Ciudad de México, México.	112
Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. UNAM, México.	72
Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Unidad de Biotecnología y Prototipos. UNAM. Av. de los Barrios 1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, Edo. México, C.P. 54090.	110
Facultad de Estudios Superiores Iztacala-UNAM. Av. De los Barrios #1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Estado de México, México.	61, 96
Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Campus II, Universidad Nacional Autónoma de México, Batalla 5 de Mayo s/n, Ejercito de Oriente, Iztapalapa, CP 09230, CDMX, México.	79, 92, 107, 108, 123, 146, 151, 155

Institución	Página
Facultad de Odontología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. México. Rivereña S/N, Centro, 90000 Tlaxcala de Xicohténcatl, Tlax.	162
Facultad Maya de Estudios Agropecuarios. Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México.	5, 6, 8, 31, 47, 98, 99, 103, 104, 116, 118, 134, 142, 152, 159
FES Iztacala UNAM	19, 109

## **G**

Genetic Toxicology, Biology, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, Estado de México.	75, 76
Genética Médica, Centro Médico Ecatepec, ISSEMYM, Edo Mex. México.	138
Genética Médica, Genodermatología y Neurogenética, Hospital Regional de Alta Especialidad Ciudad Salud	66
Grupo de Enfermedades Emergentes y Epidémicas. Departamento de Salud El Colegio de La Frontera Sur, San Cristóbal de Las Casas, Chiapas	63

## **H**

Hospital de Especialidades Pediátricas, CRAE Ciudad Salud en Tapachula, Chiapas	68
Hospital General de México "Dr. Eduardo Liceaga"	57, 148
Hospital Infantil de México Federico Gómez. 2ENCB-Instituto Politécnico Nacional.	60

Institución	Página
Hospital Regional De Tlalnepantla, ISSEMyM, Estado de México.	75, 76
 <b>I</b>	
Institut de la Vision/INSERM/UPMC, Université Paris 06/CNRS/CHNO des Quinze-Vingts, Paris, France.	71
Instituto de Agroingeniería, Universidad del Papaloapan, Av. Ferrocarril S/N, Ciudad Universitaria Campus Loma Bonita, Oaxaca 64400, Oaxaca, México.	39
Instituto de Ciencias de la Atmósfera y Cambio climático.	110
Instituto de Investigaciones Biomédicas UNAM/ Instituto Nacional de Pediatría	2
Instituto de Investigaciones en Ecosistemas y Sustentabilidad. UNAM, México. Manejo y Evolución de Recursos Zoogenéticos.	72
Instituto Nacional de Cancerología, Av. San Fernando No.22, Col. Sección 16, C.P 14080, CDMX.	126
Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP)-CENID-COMEF. Progreso 5, Alcaldía Coyoacán, CP. 04010, Ciudad de México, México.	113
Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. CIR-Centro. CEVAMEX. Km. 13.5 Carr. Los Reyes-Texcoco, Coatlinchán, Texcoco, Estado de México. C. P. 56250. México.	113
Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, Departamento de Biología	88, 114

Institución	Página
Instituto Nacional de Rehabilitación "Luis Guillermo Ibarra Ibarra", Ciudad de México, México.	132, 144
Instituto Nacional de Salud Pública, Centro de Investigaciones Sobre Enfermedades Infecciosas CISEI-INSP. Cuernavaca, Morelos.	3
Investigador por México CONAHCYT en la Facultad Maya de Estudios Agropecuarios de la UNACH	27
 <b>L</b>	
Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa, Avenida San Rafael Atlixco 186, CP. 09340 CDMX, México	114, 150, 153
Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, CA Genética y Ambiente UATLX-CA 223, Ixtacuixtla, Tlaxcala 90120, México	87, 101, 105, 124, 126, 128, 130, 162, 164, 166
Laboratorio de Acuicultura Tropical, División Académica de Ciencias Biológicas. Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. C.P. 86650. Villahermosa, Tabasco, México.	15
Laboratorio de Bioindicadores, Centro de Investigación y Jardín Etnobiológico, UADEC.	74
Laboratorio de Biología Celular y Genética, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Anillo envolvente del Pronaf, S/N, Ciudad Juárez, Chihuahua.	139
Laboratorio de Biología Molecular HGM	154

Institución	Página
Laboratorio de Biomembranas, División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, Ciudad de México 09340, México	130
Laboratorio de Bioquímica y Biología Tisular, CTBC, UATx. 90120.	126
Laboratorio de Citogenética Humana, FES-Cuautitlán. UNAM.	74
Laboratorio de Fisiología Vegetal, UBIMED, Facultad de Estudios Profesionales Iztacala, UNAM.	42
Laboratorio de Genética evolutiva y ambiental, Centro de Investigaciones Biológicas, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Apdo. Postal 69, C.P. 42001, Pachuca, Hidalgo, México.	160
Laboratorio de Genética y Cáncer, Instituto Nacional de Pediatría	16
Laboratorio de Genética, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Ciudad de México, México.	132, 144
Laboratorio de Genética, Facultad De Estudios Superiores Cuautitlán Universidad Nacional Autónoma de México.	77
Laboratorio de Genotoxicología Ambiental, Instituto de Ciencias de la Atmósfera y Cambio Climático, Universidad Nacional Autónoma de México. Circuito Exterior, Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, Ciudad de México, México.	80
Laboratorio de Inmunología, Unidad de Morfología y Función, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, Estado de México.	75, 76

Institución	Página
Laboratorio de Investigación en Parasitología. HIMFG.	9
Laboratorio de Medicina de la Conservación, Escuela Superior de Medicina, Instituto Politécnico Nacional, Ciudad de México.	144
Laboratorio de Metabolismo de la Diabetes Mellitus, Unidad de Morfofisiología, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, Estado de México, México.	147
Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Departamento de Biología Celular y Molecular, CUCBA, Universidad de Guadalajara. Camino Ramón Padilla Sánchez No. 2100 Nextipac. Zapopan, Jalisco, México. C.P.45200.	89, 90
Laboratorio de Neuroquímica, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, Manuel Velasco Suárez, Mexico City 14269, Mexico.	164
Laboratorio de Tejido Conjuntivo, Instituto Nacional Rehabilitación "Luis Guillermo Ibarra Ibarra", Ciudad de México	45
Laboratorio de Toxicología Genética, Biología, FES Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Los Barrios N 1, Los Reyes Iztacala, C.P. 54090, Tlalnepantla, Estado de México, México.	86
Laboratorio de Toxicología y Genética, Unidad de Investigación Multidisciplinaria, FES-Cuautitlán campo 4, UNAM.	74
Laboratorio Experimental de Enfermedades Neurodegenerativas, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, Manuel Velasco Suárez, Mexico City 14269, México.	164

Institución	Página
Laboratorio Genética Toxicológica. FES Iztacala, UNAM.	14
Licenciatura en Biología Experimental, UAM-Iztapalapa, CDMX, México.	150
Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala.	87, 101, 105, 124, 126, 128, 130, 162, 164, 166
Licenciatura en Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Occidente. Av. del Mar 1200, Tellería, 82100. Mazatlán, Sinaloa.	84, 91

## M

Maestría en Ciencias en Gestión Integral de Cuecas Hidrográficas Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P. 90120.	124, 128, 166
Medicina Genómica, Instituto Nacional de Rehabilitación Luis Guillermo Ibarra Ibarra, Calzada México-Xochimilco 289, Arenal de Guadalupe, Tlalpan. C.P. 14389. Ciudad de México. Exdirector del Museo de la Luz.	10, 12, 24, 43, 55, 56, 85

## Q

Quiescente Molecular, C. Río Amazonas 4080 Los Nogales CP. 32350.	157
---	-----

## S

Institución	Página
Servicio de Genética Médica, Coordinador de Investigación en Salud, Centro Médico Ecatepec, ISSEMYM	58

## **T**

Tecnológico Nacional de México Campus de los Ríos. Km 3, carretera Villahermosa, Balancán 86930, Tabasco.	118
Tecnológico Nacional de México/Campus Conkal. Av. Tecnológico S/N, 97345, Yucatán, México.	39
Tecnológico Nacional de México-I. T. Ciudad Victoria-División de Estudios de Posgrado e Investigación. Boulevard Emilio Portes Gil No. 1301. Ciudad Victoria, Tamaulipas, México. C.P. 87010	44
Tecnológico Nacional de México-Instituto Tecnológico de Tlajomulco Km 10 carr Tlajomulco, Cto. Metropolitano Sur, 45640 Tlajomulco de Zúñiga, Jal.	81, 95

## **U**

Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental, Facultad de Estudios Superiores-Zaragoza Campus II, UNAM. Laboratorio 5 primer piso, UMIEZ. CP 09230, CDMX. México.	111
Unidad de Investigación Médica en Genética Humana. Hospital de Pediatría, Centro Médico Nacional Siglo XXI, IMMS.	86
Unidad de Investigación Multidisciplinaria Labs 4, 9 y Bioterio. Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, UNAM.	87

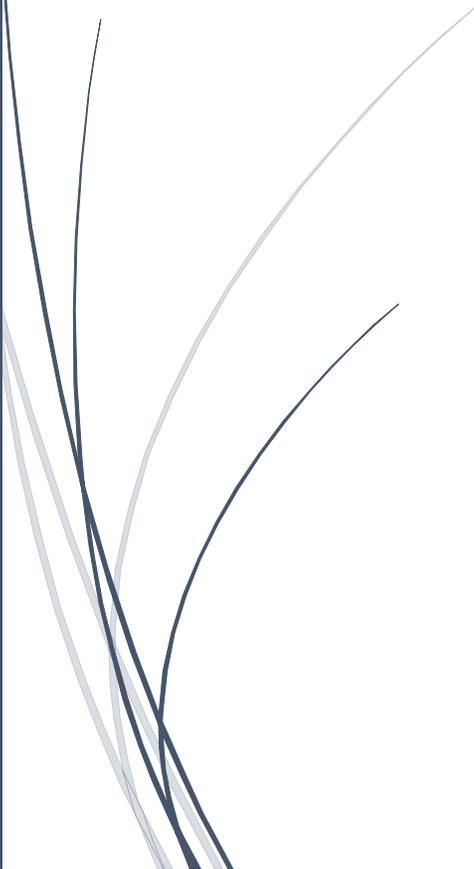
Institución	Página
Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Palenque-Instituto Politécnico Nacional, Carretera Palenque-Pakal-Na, Centro. C.P. 29960, Palenque, Chiapas.	6
Unidad Profesional Interdisciplinaria en Ingeniería y Tecnologías Avanzadas, Instituto Politécnico Nacional. Av Instituto Politécnico Nacional 2580, La Laguna Ticoman, Gustavo A. Madero, 07340 Ciudad de México, CDMX.	121
Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Departamento Forestal. Calle Antonio Narro 1923, Buenavista, 25315. Saltillo, Coahuila, México.	113
Universidad Autónoma de Chiapas. Instituto de Estudios Indígenas. México.	72
Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, Instituto de Ciencias Biomédicas, Departamento de Ciencias Químico Biológicas. Av. Benjamín Franklin No. 4650. Zona PRONAF C.P. 32315.	73, 157
Universidad Autónoma de la Ciudad de México, Campus del Valle. S. Lorenzo 290, Col del Valle Sur, Benito Juárez, 03104 CDMX, CDMX, México.	161
Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Centro de Investigaciones Biológicas, Laboratorio de Genética, Cubículo 2 Genética Toxicológica.	78
Universidad Autónoma del Estado de México, Unidad Académica Profesional Acolman, Estado de México.	82
Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Lerma. Lerma de Villada, Estado de México, 52005.	82
Universidad de Tras-os-Montes e Alto Douro. Portugal	72
Universidad Iberoamericana Ciudad de México.	149

Institución	Página
Universidad Juárez Autónoma de Tabasco	29, 140, 141, 152
Universidad Juárez Autónoma de Tabasco: División Académica Multidisciplinaria de Jalpa de Méndez. Carretera Estatal Libre Villahermosa-Comalcalco, Km. 27+000 s/n Ranchería Ribera Alta, C.P. 86205, Jalpa de Méndez, Tabasco.	135, 136, 156
Université Paris-Saclay, CNRS, Institut des Neurosciences Paris Saclay, 91400, France.	71
University of California, Santa Barbara, USA.	149
University of Texas at El Paso, 500 W University Ave, El Paso, TX 79968.	157



CNG 2023

# Índice por Título



Rev. Int. Contam. Ambie. 39

DOI: <https://doi.org/10.20937/RICA.2023.39.SMGM>

Título	Página
 <b>A</b>	
AISLAMIENTO DE CEPAS FÚNGICAS CON CAPACIDAD DE DEGRADACIÓN DE FÁRMACOS CÍCLICOS. Avances	121
ALTERACIONES CROMOSÓMICAS FRECUENTES EN LA POBLACIÓN PEDIÁTRICA CON LEUCEMIA AGUDA LINFOBLÁSTICA DEL HOSPITAL DE ESPECIALIDADES PEDIÁTRICAS	64
ANÁLISIS <i>IN SILICO</i> DE MUTACIONES DEL GEN <i>PTEN</i> Y SU RELACIÓN EN EL DESARROLLO DE CÁNCER DE PRÓSTATA	91
ANÁLISIS PROTEÓMICO DE <i>Plasmodium berghei</i> EN FASE ANULAR DURANTE EL TRATAMIENTO ANTIPARASITARIO <i>in vivo</i> CON KramecyNA	60
ANTIMUTAGENICIDAD DE <i>Curcuma longa L.</i> Y DE <i>Piper nigrum</i> FRENTE A LA 4-NITRO-O-FENILENDIAMINA EN <i>Salmonella typhimurium</i>	80
ÁREAS PARA LA CONSERVACIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS DE <i>Pinus lawsonii</i> ROEHL EX GORDON	113
ASINCRONÍA ENTRE LA CITOTOXICIDAD Y LA GENOTOXICIDAD INDUCIDA POR ANEÚGENOS <i>IN VIVO</i>	88
 <b>B</b>	
BIOLOGÍA MOLECULAR DE PECES NATIVOS EN TABASCO	15
BIOMONITOREO DEL DAÑO GENÉTICO INDUCIDO POR EL EMPLEO DE PLAGUICIDAS EN LA PRODUCCIÓN DE ALIMENTOS	130
BIOMONITOREO DEL DAÑO GENOTÓXICO EN POBLACIONES LABORALMENTE EXPUESTAS A PLAGUICIDAS EMPLEANDO EL ENSAYO COMETA	101

Título	Página
<b>C</b>	
CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE <i>Capsicum</i> spp., SILVESTRES Y CULTIVADOS	47
CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DE CEPAS DE CIANOBACTERIAS MEXICANAS	109
COINFECCIÓN DE DENGUE, ZIKA Y CHIKUNGUÑA EN UN GRUPO DE MUJERES EMBARAZADAS DE TUXTLA GUTIÉRREZ, CHIAPAS	9
COMPARACIÓN DEL EFECTO RADIOSENSIBILIZADOR DE DOSIS BAJAS DE BRDU Y CIS-PT, MEDIANTE EL ANÁLISIS GENOTOXICOCINÉTICO Y CITOTOXICOCINÉTICO, EN CÉLULAS DE LA MÉDULA ÓSEA DE RATONES <i>IN VIVO</i>	114
CONSTRUCCIÓN DE UNA GENOTECA METAGENÓMICA DEL QUESO DE PORO ARTESANAL. Avances	103
CONTRIBUCIÓN DE LA GENÉTICA MOLECULAR EN LA PRODUCCIÓN DE BIOPLÁSTICOS MEDIANTE CEPAS DE <i>E. coli</i> RECOMBINANTE.	140
CONTROL GENÉTICO DE LA DIFERENCIACIÓN CELULAR DURANTE EL ESTABLECIMIENTO DE LA EMBRIOGÉNESIS SOMÁTICA EN VEGETALES	5
<b>D</b>	
DAÑO EN EL ADN INDUCIDO POR CLORURO DE TALIO(III) Y CLORURO DE INDIO(III) EN CÉLULAS DE SANGRE PERIFÉRICA DE RATÓN CD-1.	111
DAÑO GENÉTICO EN CÉLULAS SANGUÍNEAS HUMANAS EXPUESTAS A LÁMPARAS GERMICIDAS Y PROTECCIÓN DEL ÁCIDO ASCÓRBICO	90

Título	Página
DAÑO GENOTÓXICO EN LAS CÉLULAS DE LA MUCOSA ORAL EN PORTADORES DE RESTAURACIONES CON AMALGAMA DENTAL	162
DE LA CITOGENÉTICA CLÁSICA A LA CITOGENÓMICA	16
DE LOS GENES LIGADOS A LOS MAPAS FÍSICOS: COMPARACIÓN DE LOS MAPAS DE LIGAMIENTO GENÉTICO CON LOS MAPAS FÍSICOS Y SUS APLICACIONES	51
DESARROLLO DE LA GENOTOXICOLOGÍA EN EL LABORATORIO DE RADIOBIOLOGÍA CELULAR DEL ININ	17
DETECCIÓN DE LA DUPLICACIÓN GÉNICA DE PMP22 Y DIAGNÓSTICO INTEGRAL DE LA ENFERMEDAD DE CHARCOT-MARIE-TOOTH 1A	55
DETECCIÓN MOLECULAR DE ANAPLASMOSIS EN HATOS GANADEROS DE PALENQUE, CHIAPAS. Avances	120
DETECCIÓN MOLECULAR DE TRANSGENES EN CULTIVOS DE MAÍZ Y MIEL PRODUCIDA EN EL MUNICIPIO DE PALENQUE, CHIAPAS.	99
DETECCIÓN Y ESTUDIO DE GENES AFECTADOS POR VARIACIÓN DE NÚMERO DE COPIAS (CNAS) EN MUJERES DE UNA FAMILIA CON ANTECEDENTES DE LESIONES ESCAMOSAS INTRAEPITELIALES DE BAJO Y ALTO GRADO DE CUELLO UTERINO	83
DETERMINACIÓN DE LA CONCENTRACIÓN RELATIVA DE TRANSCRITOS MEDIANTE UNA VARIACIÓN DE PCR PUNTO FINAL	42
DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE LA INCIDENCIA DE ANTRACNOSIS EN PLANTACIONES DE <i>ANNONA MURICATA</i> L., EN EL MUNICIPIO DE PALENQUE, CHIAPAS.	98
DIVERSIDAD GENÉTICA DE <i>Capsicum</i> spp	48
DIVERSIDAD GENÉTICA DE <i>Metarhizium anisopliae</i> EN CAÑAVERALES DE TABASCO	152

Título	Página
DIVULGACIÓN EN REDES SOCIALES ACERCA DE LAS ENFERMEDADES RARAS O POCO COMUNES EN MÉXICO (LTC: ENFERMEDADES RARAS).	85
 <b>E</b>	
EDICIÓN GENÉTICA DEL GEN ORTÓLOGO <i>INNER NO OUTER (INO)</i> DE <i>Annona muricata</i> L. MEDIANTE EL SISTEMA CRISPR/CAS9.	159
EFFECTO DE LA EDAD SOBRE LA MOTILIDAD DE ADULTOS SILVESTRES DE <i>Drosophila melanogaster</i>	74
EFFECTO DEL TRICLORURO DE VANADIO SOBRE CICLO CELULAR Y LOS NIVELES DE EXPRESIÓN DE LAS PROTEÍNAS ATM Y $\gamma$ -H2AX EN LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS <i>IN VITRO</i>	155
EFFECTO GENOTÓXICO DE LA OBESIDAD Y LA SUPLEMENTACIÓN DE FRUCTOSA EN RATAS WISTAR	150
EFFECTO GENOTÓXICO INDUCIDO POR ACETATO DE TALIO EN RATÓN HEMBRA Y SU DESCENDENCIA.	79
EFFECTOS CITOGENÉTICOS DEL EXTRACTO ACUOSO DE <i>Lysimachia arvensis</i> (L.) U.MANNS & ANDERB. SOBRE CÉLULAS MERISTEMÁTICAS DE <i>Vicia faba</i>	110
EL EFFECTO DE DIETAS RICAS EN FRUCTOSA EN LA EXPRESIÓN DEL PROTEOSOMA EN EL INTESTINO DE <i>Drosophila melanogaster</i>	76
EL ENSAYO COMETA EN RATAS WISTAR COMO MODELO PARA EVALUAR EL POTENCIAL GENOTÓXICO DE PLAGUICIDAS	126
EL GEN <i>GADD45</i> Y SU IMPLICACIÓN EN LA RESPUESTA CEREBRAL A DIETAS HIPERCALÓRICAS EN <i>Drosophila melanogaster</i>	75

Título	Página
EL MAPA GENÉTICO DEL TOMATE <i>Solanum lycopersicum</i> Y SUS APLICACIONES	52
EL PAPEL DEL MVZ EN EL DIAGNÓSTICO Y CONTROL DE ENFERMEDADES TRANSMITIDAS POR VECTORES	36
EN BUSCA DE UNA RED DE GENES CLAVES EN LA SUSCEPTIBILIDAD A LAS INFECCIONES EN MOSQUITOS VECTORES EN PRESENCIA DE AGENTES PATÓGENOS	3
ENFERMEDAD DE LEGG-CALVÉ- PERTHES Y OTRAS ENFERMEDADES RARAS EN MÉXICO	10
ENSAYO COMETA ALCALINO PARA DETECTAR DAÑO AL ADN EN CÉLULAS DE LA RAÍZ DE <i>Vicia faba</i> INDUCIDO POR TERBUFOS	105
ESPECTRO GENÉTICO EN LA POBLACIÓN ADULTA CON CÁNCER EN CIUDAD SALUD	66
ESTIMACIÓN DEL DAÑO POR BASES OXIDADAS EN EL ADN DE LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS <i>IN VITRO</i> CON GALIO	146
ESTRÉS OXIDANTE, DAÑO AL ADN Y CAMBIOS EN EL CICLO CELULAR INDUCIDOS POR TALIO(III) <i>IN VITRO</i> .	107
ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN DE LAS ISOFORMAS DE LA DISTROFINA Dp71, DURANTE EL DESARROLLO DEL CEREBRO DE RATÓN	71
ESTUDIO GENOTÓXICO DE NUEVOS FÁRMACOS TRIPANOCIDAS DERIVADOS DE QUINAZOLINA	61
ESTUDIO <i>IN VITRO</i> E <i>IN VIVO</i> DEL EFECTO GENOTÓXICO DE UNA BEBIDA ENERGIZANTE Y DE SUS PRINCIPALES COMPONENTES TAURINA Y CAFEÍNA	87
ESTUDIO PILOTO EN IDENTIFICACIÓN DE MUTACIONES EN <i>FLG</i> (FILAGGRIN) EN PACIENTES CON DERMATITIS ATÓPICA	148
ESTUDIOS GENÉTICOS EN LA ENFERMEDAD DE LEGG-CALVE-PERTHES	93

Título	Página
EVALUACIÓN DE DAÑO GENOTÓXICO POR EXPOSICIÓN A LA BIFENTRINA EN METZTITLÁN HIDALGO EN UN AMBIENTE LABORAL.	160
Evaluación de la genotoxicidad de la semilla del toloache ( <i>Datura stramonium</i> L.) por medio del Ensayo de Mutación y Recombinación Somáticas (SMART) en alas de <i>Drosophila melanogaster</i>	112
EVALUACIÓN DE LA HERENCIA DEL TRAUMA EN RATONES Y SU RESPUESTA A LA ACETOFENONA (PROTOCOLO)	156
EVALUACIÓN DE LIPOPEROXIDACIÓN EN LOS FETOS DE HEMBRAS TRATADAS CON TALIO.	123
EVALUACIÓN DE LOS EFECTOS GENOTÓXICOS DE AGUAS SUPERFICIALES Y SEDIMENTOS EMPLEANDO LA PRUEBA DE MICRONÚCLEOS EN <i>Vicia faba</i>	128
EVALUACIÓN DEL DAÑO GENÉTICO INDUCIDO POR GLIFOSATO Y TRES FORMULACIONES COMERCIALES CON ADYUVANTES, EN CÉLULAS DE SANGRE HUMANA	89
EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DEL GALACTÓSIDO DE QUERCETINA (HIPERÓSIDO) MEDIANTE LA PRUEBA SMART EN ALA DE <i>D. melanogaster</i> .	96
EVALUACIÓN DEL EFECTO TERATOGENICO DE LAMOTRIGINA Y SU ASOCIACIÓN CON ÁCIDO FÓLICO EN EL MODELO DE <i>Drosophila melanogaster</i>	77
EVALUACIÓN DEL ENTRECruzAMIENTO INTERESPECIE DE CEPAS DE HONGOS DEL GÉNERO <i>SCHIZOPHYLLUM</i> (FUNGI: BASIDIOMYCOTA)	142
EVALUACIÓN <i>IN VITRO</i> DE LA GENOTOXICIDAD Y CITOTOXICIDAD DE TRES NANOPARTÍCULAS BASADAS EN GADOLINIO	132

Título	Página
EVALUACIÓN <i>IN VITRO</i> DEL EFECTO CITOTÓXICO Y APOPTÓTICO DEL EXTRACTO ETANÓLICO DE ANTOCIANINAS DE <i>Hibiscus sabdariffa</i> EN LA LÍNEA CELULAR B16F10 DE MELANOMA.	95
EXPERIENCIAS EN LA ATENCIÓN DE PACIENTES CON ENFERMEDADES LISOSOMALES EN EL ESTADO DE CHIAPAS	23
EXPRESIÓN DE INTERFERÓN GAMMA EN <i>TRACTOSTEUS TROPICUS</i> COMO MODELO DE LA ENFERMEDAD INFLAMATORIA INTESTINAL EN HUMANOS	94
<b>F</b>	
FACTORES ETIOLÓGICOS RECURRENTES EN LA ENFERMEDAD DE LEGG-CALVE-PERTHES	56
FACTORES GENÉTICOS EN OSTEOPOROSIS: IMPACTO DE LAS VARIANTES GÉNICAS EN MÉXICO	12
<b>G</b>	
GENOTOXICIDAD DE AGENTES FÍSICOS Y QUÍMICOS, EVALUADA DE 1994 A 2022, CON LA PRUEBA DE MUTACIÓN Y RECOMBINACIÓN SOMÁTICAS (SMART) EN ALAS DE <i>Drosophila melanogaster</i>	86
<b>H</b>	
HERRAMIENTAS ACTUALES DE BIOLOGÍA MOLECULAR EN EL APOYO AL DIAGNÓSTICO DE ENFERMEDADES DE ORIGEN GENÉTICO (UN PROTOCOLO DE INVESTIGACIÓN)	154

Título	Página
<b>I</b>	
ICTIOSIS RECESIVA LIGADA AL CROMOSOMA X EN MÉXICO	57
IDENTIFICACIÓN DE DELECCIONES EN EL GEN DMD MEDIANTE PCR MÚLTIPLE EN PACIENTES MEXICANOS CON DISTROFIA MUSCULAR DE DUCHENNE/BECKER	43
IDENTIFICACIÓN DE MUTACIONES EN EL GEN <i>BRCA1</i> MEDIANTE MLPA EN PACIENTES CON SÍNDROME DE CÁNCER DE MAMA Y OVARIO HEREDITARIO (SCHMO)	138
IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE <i>PHYTOPHTHORA PALMIVORA</i> EN PLANTACIONES DE PALMA DE ACEITE ( <i>ELAEIS GUINEENSIS</i> ) EN LA REGIÓN XIII-MAYA, CHIAPAS. Avances	104
IDENTIFICACIÓN MOLECULAR Y CULTIVO <i>IN VITRO</i> DE <i>Lactobacillus casei</i> Y <i>Lactobacillus acidophilus</i> EN POZOL DE DIFERENTES VARIEDADES DE MAÍZ CRIOLLO. Avances	134
IDENTIFICACIÓN Y SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE GUANABANA <i>Annona muricata</i> L. CON ALTO VALOR AGROINDUSTRIAL	100
IDENTIFICACIONES DE GENES Y MUTACIONES ASOCIADOS CON LA PROLIFICIDAD DE LA OVEJAS PELIBUEY DE PELO	39
IMPORTANCIA DE LOS RECURSOS FITOGENÉTICOS LOCALES EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CULTIVOS HORTOFRUTÍCOLAS EN EL SURESTE DE MÉXICO	6
IMPORTANCIA DEL ESTUDIO DEL VANADIO Y SUS AVANCES EN UNIGEN	92
INDUCCIÓN DE DAÑO GENOTÓXICO CON DOXORRUBICINA EVALUADO POR MICRONÚCLEOS	153
INDUCCIÓN DE VARIABILIDAD GENÉTICA DE <i>ORYZA SATIVA</i> MEDIANTE METANOSULFONATO DE ETILO Y SU EFECTO EN LA RESISTENCIA A LA SALINIDAD	81

Título	Página
 <b>L</b>	
LA COMPLEJA RELACIÓN DE <i>Trypanosoma cruzi</i> y <i>Leishmania</i> spp. CON LA FAUNA SILVESTRE	13
LA DOBLE HÉLICE: 70 AÑOS DESPUÉS	14
LA HERRAMIENTA SECRETA DE LA MEDICINA: <i>Drosophila melanogaster</i>	19
LA NECESIDAD DE UN ENFOQUE INTEGRAL (UNA SALUD) PARA LA VIGILANCIA Y CONTROL DE LA TRIPANOSOMIASIS AMERICANA EN EL SURESTE DE MÉXICO	63
LA PRUEBA DE MICRONÚCLEOS EN CÉLULAS DE LA MUCOSA ORAL PARA EVALUAR DAÑO GENOTÓXICO POR EXPOSICIÓN LABORAL A PLAGUICIDAS	124
LIXIVIADOS DE LODOS RESIDUALES DE PLANTAS TRATADORAS DE AGUAS INHIBEN MITOSIS EN LINFOCITOS HUMANOS CULTIVADOS	139
LOS BOVINOS CRIOLLOS Y SU IMPORTANCIA EN LA GANADERÍA TROPICAL	21
 <b>M</b>	
MECANISMO DE DETECCIÓN DEL DAÑO AL ADN INDUCIDO POR VANADIO (III)	108
MEJORAMIENTO DE TOMATE ( <i>Solanum lycopersicum</i> L.) AUXILIADO POR SU MAPA GENÉTICO	53
MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CEPAS DE HONGOS COMESTIBLES TROPICALES	33
METAGENOMA EN QUESOS ARTESANALES: IDENTIFICACIÓN DE LA MICROBIOTA NATIVA DEL QUESO DE PORO	27

Título	Página
METAGENÓMICA: EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD MICROBIANA Y FUNCIONAL EN ECOSISTEMAS NATURALES. Avances	135
METALES INTERESANTES DE LA FAMILIA III A: CONTAMINACIÓN, TOXICOCINÉTICA Y GENOTOXICIDAD DEL GALIO, INDIO Y TALIO	151
METILACIÓN DEL GEN <i>LEP</i> Y SU PAPEL NUTRIGENÓMICO EN RELACIÓN AL TRASTORNO DIABETES MELLITUS GESTACIONAL	141
MICROBIOTA BACTERIANA SANGUÍNEA DE LA TORTUGA TEXANA <i>Gopherus berlandieri</i> EN EL ESTADO DE TAMAULIPAS, MÉXICO	44
MICRONÚCLEOS COMO ÍNDICE DE GENOTOXICIDAD EN SERPIENTES EXPUESTAS A METALES DE INTERÉS TOXICOLÓGICO EN LA COMARCA MINERA, HIDALGO: PROPUESTA METODOLÓGICA	78
MicroRNA's, ¿HORMONAS O UN NUEVO SISTEMA DE SEÑALIZACIÓN CELULAR? (PROYECTO DE INVESTIGACIÓN)	73
MONITOREO DEL POTENCIAL GENOTÓXICO DE LOS RÍOS BRIONES Y NEGROS EN CHIAUTEMPAN, TLAXCALA	166
MONITOREO DEL POTENCIAL GENOTÓXICO DEL ÁCIDO ESCAMÓNICO, CANDIDATO POTENCIAL PARA EL TRATAMIENTO DE LA AMILOIDOSIS EN LA ENFERMEDAD DE ALZHEIMER, EN DIFERENTES ÓRGANOS DE RATAS WISTAR	164
MUCOPOLISACARIDOSIS EN MÉXICO	24
 <b>N</b>	
NUEVA VARIANTE HETEROCIGOTA COMPUESTA EN <i>CYP27B1</i> PRESENTE EN RAQUITISMO TIPO 1A DEPENDIENTE DE VITAMINA D	58

Título	Página
<b>O</b>	
OBTENCIÓN DE NUEVAS CEPAS DE <i>Schizophyllum radiatum</i> , POR ENTRECruzAMIENTO DE NEOHAPLONTES DE ORIGEN SILVESTRE.	116
<b>P</b>	
PARIENTES SILVESTRES: LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA PAPAYA SILVESTRE ( <i>Carica papaya</i> L.) EN SU CENTRÓ DE ORIGEN	8
PARTICIPACIÓN DE lncRNAs EN EL DESARROLLO DE COMPLICACIONES DIABÉTICAS: REVISIÓN SISTEMÁTICA Y META-ANÁLISIS	147
PATRONES MATERNOS DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN OVINOS DOMÉSTICOS DE IBEROAMÉRICA	72
PÉPTIDO DE PRECISIÓ: UN ENFOQUE MOLECULAR PARA LA PREVENCIÓ DE LA PAPILOMATOSIS BOVINA	7
POLIMORFISMOS PATOGÉNICOS EN LOS GENES DE SUSCEPTIBILIDAD AL CÁNCER DE MAMA ( <i>BRCA-1</i> Y <i>BRCA-2</i> ) EN EL GENOMA MEXICANO	157
PRESENCIA DEL POLIMORFISMO DEL GEN <i>ABCA1</i> (rs9282541) Y SU ASOCIACIÓ CON DISLIPIDEMIA EN PERSONAS CON OBESIDAD DE LA CIUDAD DE MÉXICO	149

Título	Página
 <b>R</b>	
RECEPTORES <i>LRR-RLK</i> Y FACTORES DE TRANSCRIPCIÓN <i>WRKY</i> COMO HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA EL FITOMEJORAMIENTO DE LA RESISTENCIA CONTRA PATÓGENOS EN PLÁTANO	49
REGENERACIÓN <i>IN VITRO</i> DE PASTURAS <i>BRACHIARIA HUMIDICOLA</i> Y <i>BRACHIARIA BRIZANTHA</i> COMO BASE PARA SU MEJORAMIENTO GENÉTICO	118
REGULACIÓN EPIGENÉTICA DEL GEN <i>PTEN</i> : UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA DE LOS MECANISMOS MEDIADOS POR MicroARN EN EL CÁNCER DE PRÓSTATA	84
 <b>S</b>	
SEMBLANZA DE LA GENÉTICA COMERCIAL EN MÉXICO	40
SEMBLANZA DE LA SMG A 40 AÑOS DE SU REACTIVACIÓN	2
SILENCIAMIENTO GENÉTICO EN PLANTAS, PARA EL CONTROL VIRAL	136
<i>Staphylococcus epidermidis</i> , UNA BACTERIA CON DOS ESTILOS DE VIDA: UTILIDAD DE LA PCR PARA IDENTIFICARLOS	45
 <b>T</b>	
TNF- $\alpha$ POSIBLE REGULADOR DE LA EXPRESIÓN DE <i>ACE2</i> EN EL HÍGADO DE PACIENTES MEXICANOS CON OBESIDAD	161
Toral López J.	58
TRASTORNOS DEL ESPECTRO AUTISTA: DESDE EL ABORDAJE CLÍNICO AL GENÉTICO	68

Título

Página

## **U**

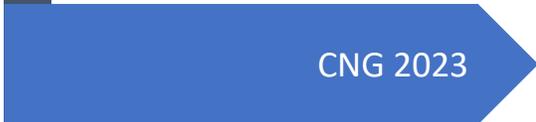
USO DE HERRAMIENTAS DE BIOLOGÍA MOLECULAR EN EL  
DIAGNÓSTICO DE HONGOS FITOPATÓGENOS 22

USO DE LA TRANSCRIPTÓMICA EN LOS ESTUDIOS DE  
FISIOLOGÍA Y NUTRICIÓN EN PECES NATIVOS DEL SUR DE  
MÉXICO 29

USO Y APLICACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES EN  
PRODUCCIÓN ANIMAL 31

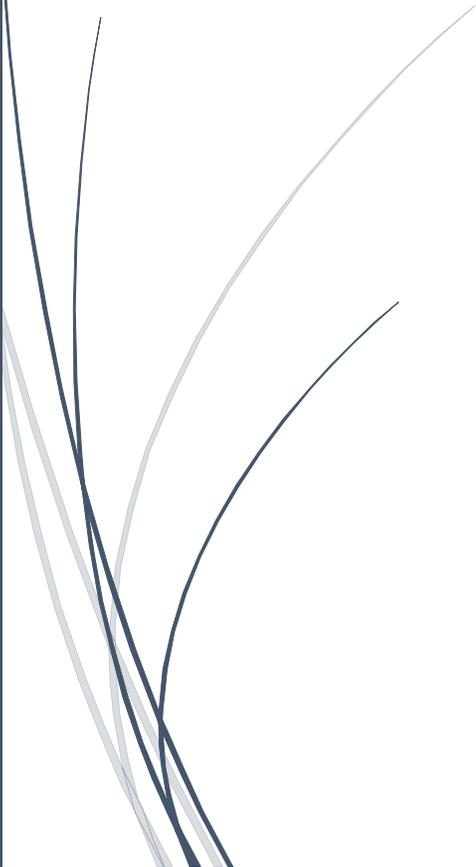
## **V**

VALORACIÓN DEL EFECTO ANTIINFLAMATORIO DE  
PTEROPODINA EN ROEDORES 144



CNG 2023

# Conferencias



Rev. Int. Contam. Ambie. 39

DOI: <https://doi.org/10.20937/RICA.2023.39.SMGM>

**CM 01****SEMBLANZA DE LA SMG A 40 AÑOS DE SU REACTIVACIÓN**

Frías Vázquez S.

Instituto de Investigaciones Biomédicas UNAM/ Instituto Nacional de Pediatría

El 4 de mayo de 1966 se fundó la Sociedad Mexicana de Genética (SMG), presidida por el Dr. Alfonso León de Garay, con la visión de fomentar la difusión y el intercambio de conocimientos sobre la Genética en todos los campos, vegetal, animal, humana y a nivel de ecosistemas. La labor de los fundadores fue intensa y productiva, sin embargo, después de unos años, no se pudo sostener esta actividad y cayó en latencia por 9 años. Fue hasta 1983, cuando impulsado por el Dr. Rafael Villalobos Pietrini y el Dr. Angel Kato, un grupo de investigadores se reunió para "revivir" a la SMG. Las circunstancias de esa época eran buenas pues la población de jóvenes investigadores trabajando en las diversas áreas de la Genética eran muchos y muy entusiastas y no tenían un foro adecuado para intercambiar resultados e ideas. Se eligió una mesa directiva, presidida por el Dr. Villalobos Pietrini que trabajó exitosamente y la SMG resurgió con nuevas ideas, ímpetus y sobre todo nuevos agremiados comprometidos y activos que convirtieron a la sociedad en un excelente foro para el intercambio de experiencias en la Genética. El trabajo que desde entonces ha desempeñado la SMG de difundir y apoyar la investigación y docencia de la Genética en México, ha sido enorme, de 1966-1989, se realizaron 6 reuniones anuales, y a partir de 1990 se iniciaron los congresos nacionales de genética, que a la fecha son ya 31 congresos, 4 de ellos en conjunto con otras sociedades nacionales y un congreso internacional organizado en conjunto con las Asociaciones Latinoamericanas de Genética y de Mutagénesis, Carcinogénesis y Teratogénesis.

**CM 02****EN BUSCA DE UNA RED DE GENES CLAVES EN LA SUSCEPTIBILIDAD A LAS INFECCIONES EN MOSQUITOS VECTORES EN PRESENCIA DE AGENTES PATÓGENOS**

Claudio Piedras F., Recio Totoro B., Vargas V., Cime Castillo J.\*

Instituto Nacional de Salud Pública, Centro de Investigaciones Sobre Enfermedades Infecciosas CISEI-INSP. Cuernavaca, Morelos. \*jorge.cime@insp.mx

Entre las diferentes especies que cohabitan la tierra, existen aquellas consideradas como organismos invasores debido a que se han introducido, establecido y esparcido más allá de sus lugares nativos de forma exitosa, entre estas especies se encuentran los principales mosquitos transmisores de arbovirus, *Aedes aegypti* y *A. albopictus* que se introdujeron desde África y Asia al resto del mundo. Un análisis de los impactos y costos a nivel mundial que implican intervenciones de salud, control de pestes y acciones para eliminar estas especies, considera que el género *Aedes* es el que ha tenido mayor impacto a nivel mundial con un gasto de 150 billones de dólares. Por lo tanto, es fundamental entender los diferentes procesos biológicos a nivel del genoma entre diversas especies de mosquitos. Esto permitirá encontrar blancos para interrumpir la transmisión de enfermedades. Una de las claves para cumplir este propósito se encuentra en la información genética de estos organismos. La secuenciación de nueva generación ha acumulado datos cuantiosos de diferentes especies de vectores bajo diversas condiciones de exposición a agentes patógenos. En la principal base de datos de recursos bioinformáticas de vectores de patógenos humanos (Vector Base), se hallan datos disponibles de transcriptomas de mosquitos *Aedes*, de estos transcriptomas no se han analizado los genes en el marco de un consenso ante infecciones de diversos patógenos que permitan conocer marcadores de susceptibilidad a la infección, así como si las infecciones suscitan cambios fisiológicos, biológicos que pongan en riesgo a los individuos y poblaciones de mosquitos, controversia que se ha generado en este campo científico desde hace décadas. Por consiguiente, en este estudio se han identificado genes diferencialmente expresados en organismos vectores en presencia de agentes patógenos infecciosos con el uso de bases de datos de repositorios abiertos. A partir de los análisis de transcriptomas de las principales enfermedades transmitidas por vectores, se ha obtenido un conjunto de genes que nos ayuda a identificar marcadores de respuesta ante agentes infecciosos, Se ha visto que existe un grupo de genes involucrados en el metabolismo energético, sistema endocrino, vías de respuesta inmune y respuesta epitranscriptómica, así como en factores de transcripción. Se ha obtenido mapas de distribución de procesos biológicos, función molecular y componente celular de los genes-transcritos que integran el conjunto de genes marcadores de infección en las glándulas salivales del mosquito *Aedes aegypti*. Del reactoma evaluado en el contexto de una infección se ha observado que el metabolismo y moléculas de la respuesta inmune son los principales componentes en las glándulas salivales, mientras que la reparación del ADN,

factores de transcripción y metabolismo abarcan el grupo de genes con mayores cambios transcripcionales.

**CM 03****CONTROL GENÉTICO DE LA DIFERENCIACIÓN CELULAR DURANTE EL ESTABLECIMIENTO DE LA EMBRIOGÉNESIS SOMÁTICA EN VEGETALES**

Zúñiga-Aguilar J.J.\*, Pérez Pascual D., Jiménez-Guillen D.,  
Monroy Hernández R., Moreno Hernández V.

Facultad Maya de Estudios Agropecuarios, Universidad Autónoma de Chiapas. Catazajá  
29980, Chiapas, México. \*jose.zuiga@unach.mx

La embriogénesis somática en vegetales es un proceso mediante el cual células somáticas con totipotencialidad se diferencian para formar un embrión en ausencia de la fusión de gametos. A pesar de la gran cantidad de información generada sobre aspectos fisiológicos, bioquímicos y genéticos, aún se desconoce los mecanismos precisos que regulan el disparo de la diferenciación para iniciar el patrón de desarrollo embrionario, aunque se conoce el requerimiento de reguladores del crecimiento vegetal y de factores ambientales de estrés para el desarrollo *in vitro* de este proceso. En el presente trabajo se investigó el efecto del estrés por herida para eficientizar el proceso de regeneración tisular durante la transformación genética del cafeto (*Coffea canephora*), mediada por *Agrobacterium tumefaciens*. Mediante sobreexpresión o represión por ARN de interferencia, se reguló ectópicamente la expresión del gen que codifica a la proteína SERK1 (Somatic Embryogenesis Receptor-like Kinase 1), un receptor citoplasmático cuya síntesis marca el inicio de la diferenciación embrionaria, analizando sus efectos sobre la transcripción de genes involucrados en el control del desarrollo y en la síntesis y transporte de auxinas. Mediante ensayos de RT-PCR en tiempo real se encontró que los genes responsables de la síntesis y el transporte de auxinas, así como genes reguladores del desarrollo son inducidos en las primeras etapas del desarrollo embrionario, mientras que genes que controlan la maduración del embrión en las etapas finales del proceso, son reprimidos. Los resultados corroboran la relevancia del estrés como elemento fundamental para regular la diferenciación *in vitro*, así como la función del gen SERK1 como un control maestro de la red de regulación génica que induce la diferenciación en las primeras etapas del desarrollo embrionario en vegetales.

CM 04

## **IMPORTANCIA DE LOS RECURSOS FITOGENÉTICOS LOCALES EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CULTIVOS HORTOFRUTÍCOLAS EN EL SURESTE DE MÉXICO**

Pérez-Pascual D.<sup>1,2</sup>

1Facultad Maya de Estudios Agropecuarios. Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México. 2Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Palenque-Instituto Politécnico Nacional, Carretera Palenque-Pakal-Na, Centro. C.P. 29960, Palenque, Chiapas.daniel.pascual@unach.mx; daperezp@ipn.mx

Las variedades autóctonas o silvestres, adaptadas a las condiciones locales, resisten mejor las situaciones desfavorables, como sequía, inundaciones, plagas y enfermedades, que las variedades exóticas o introducidas. La tarea estratégica sobre cambio climático nos presenta el desafío de utilizar los recursos genéticos para adaptación de la agricultura. Las variedades vegetales, adaptadas a las condiciones climáticas extremas de nuestro país y/o región, otorgan características especiales, genes de alto valor para el mejoramiento de estas especies. La diversidad de ecosistemas del país, con condiciones agroecológicas diversas, determina una amplia variedad de plantas con características importantes de establecer, estudiar, conservar y utilizar. El estudio de los recursos fitogenéticos en el Sureste Mexicano ha cobrado mayor importancia en los últimos años debido a que estos recursos representan una fuente de genes útiles para el hombre, quien a través de su estudio ha generado todo un acervo de conocimiento tradicional y científico. Actualmente, existe una creciente preocupación sobre la pérdida acelerada de la diversidad genética en los cultivos. Esto ha llevado a tomar acciones para la conservación de los recursos genéticos, ya sea bajo esquemas de conservación *in situ*, *ex situ* a través de bancos de germoplasma; sin embargo, en el caso de los recursos hortofrutícolas, existen vacíos de información sobre la distribución de la diversidad genética. Debido a lo anterior expuesto mi investigación científica está enfocada en la caracterización, conservación y selección de variedades de guanábana, achiote, papaya, sandía, calabaza, presentes y cultivados en la región de los Ríos, Tabasco y la región XIII Maya de Chiapas con la finalidad de realizar mejoramiento genético y obtener nuevas variedades tolerantes al cambio climático, mayor rendimiento y calidad.

**CM 05****PÉPTIDO DE PRECISIÓN: UN ENFOQUE MOLECULAR PARA LA PREVENCIÓN DE LA PAPILOMATOSIS BOVINA**

Franco Molina M.A.

Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Autónoma de Nuevo León

En el amplio e intrincado panorama de los virus, existe un grupo de patógenos que han intrigado a científicos, veterinarios y ganaderos durante décadas: los virus del papiloma bovino (BPV). Los virus del papiloma (PV) son virus de ADN diminutos, circulares y de doble cadena con la capacidad de infectar a todos los vertebrados. Estos PV son parte de la familia Papillomaviridae y exhiben una afinidad particular por los tejidos epiteliales y mucosos. Los PVs se pueden transmitir directamente, a través del contacto con sujetos infectados, o indirectamente, a través de fómites. La infección comienza cuando las abrasiones en el epitelio mucocutáneo permiten que el virus acceda a la capa basal de células, manifestándose con aparición de verrugas cutáneas, genitales y en el tracto digestivo, ocasionando importantes pérdidas económicas en la ganadería bovina por el descarte prematuro de animales, además ocasiona retraso en el desarrollo, mala condición corporal y reducción en la producción de leche. Actualmente su incidencia es alta en la ganadería mexicana, con alta prevalencia en los estados de Tabasco, Chiapas, Tamaulipas y Veracruz. Los genotipos virales predominantes son virus del papiloma bovino 1 y 2, y debido a que no existe tratamiento ni vacuna preventiva efectiva contra esta enfermedad nuestro grupo de investigación diseñó un péptido sintético mediante simulaciones *in silico* el cual fue probado *in vitro* e *in vivo* determinando que tiene la capacidad de inducir una gran cantidad de anticuerpos en contra de los genotipos del BPV1 y BPV2, sugiriendo ser efectivo para la prevención de esta enfermedad.

CM 06

**PARIENTES SILVESTRES: LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA  
PAPAYA SILVESTRE (*Carica papaya* L.) EN SU  
CENTRO DE ORIGEN**

Ruiz-Gil P.J.

Facultad Maya de Estudios Agropecuarios, UNACH

Los PSC son especies silvestres que están genéticamente relacionadas a las especies domesticadas, o que están en algún grado de domesticación. En general, estos PSC presentan altos niveles de variación genética en comparación con su contraparte domesticada, esto debido a las diferentes historias evolutivas que moldearon la variación genética. Una especie que resulta interesante estudiar su variación genética, es la papaya silvestre (*Carica papaya* L.) la cual es de origen mesoamericano y presenta tanto poblaciones silvestres y domesticadas a lo largo de su distribución natural. En su forma domesticada, esta especie es de gran importancia económica, siendo una de las principales frutas tropicales a nivel mundial. Sin embargo, en su forma silvestre resulta importante por ser el pariente silvestre de las poblaciones domesticadas, siendo un gran reservorio genético para el cultivo. Estudiando a las poblaciones silvestres de papaya hemos encontrado que éstas se distribuyen ampliamente en México, mostrando una buena idoneidad climática para las regiones tropicales de la costa del Pacífico, el Golfo de México y la península de Yucatán. Utilizando enfoques moleculares y aproximaciones de genética de poblaciones, se ha detectado que las poblaciones silvestres de papaya en México están organizadas en seis unidades evolutivas grandes, las cuales presentan una alta diversidad genética y alto flujo genético. A una escala más fina, la península de Yucatán es el área de mayor presencia de la especie. Usando aproximaciones de genómica de poblaciones y del paisaje, se encontraron tres grupos genéticos los cuales coinciden con el gradiente de precipitación presente en la península de Yucatán. Además, se lograron identificar regiones genómicas asociadas a variables de temperatura y precipitación, y se identificaron genes que pueden estar relacionados a la adaptación a condiciones secas, lo cual podría ser de mucha utilidad para el mejoramiento del cultivo. En conjunto, los resultados encontrados proporcionan información necesaria para el conocimiento de la distribución, diversidad y estructura genética y adaptación de las poblaciones de papaya silvestre en México; la cual es básica para mejorar las estrategias de manejo y conservación de la especie en su centro de origen.

CM 07

## **COINFECCIÓN DE DENGUE, ZIKA Y CHIKUNGUÑA EN UN GRUPO DE MUJERES EMBARAZADAS DE TUXTLA GUTIÉRREZ, CHIAPAS**

Eligio García L.

Laboratorio de Investigación en Parasitología. HIMFG.

En México las enfermedades transmitidas por vectores (ETV) representan un importante problema de salud pública e incluyen al dengue (DENV), el zika (ZIKV) y el Chikunguña (CHIV), los cuales son transmitidos mediante la picadura del mosquito *Aedes aegypti*. Además de la transmisión vectorial, existe la transmisión materno-fetal y por trasplante. De acuerdo con el sistema nacional de vigilancia epidemiológica, el dengue se ha intensificado desde 2018, mientras que para ZIKV y CHIV se ha observado una disminución de los casos notificados. Se realizó un trabajo experimental cuyo objetivo principal fue determinar la incidencia de infecciones por DENV, ZIKV, y CHIV durante el embarazo en una comunidad del estado de Chiapas. Para cumplir el objetivo se realizó un estudio en un grupo de 136 mujeres embarazadas de una región de Chiapas donde DENV, ZIKV, y CHIV son endémicos, se determinó la presencia de la infección viral, las manifestaciones clínicas y daños congénitos en recién nacidos. Los resultados obtenidos mostraron que por RT-PCR el 27.7% (n=136) dio positivo para DENV, 8% para ZIKV y 24.1% para CHIV. 11 muestras con coinfecciones positivas para DENV y CHIV, 3 para DENV y ZIKV, 2 para ZIKV y CHIV y 2 positivos para DENV, ZIKV y CHIV. Los valores de IgG en sueros muestran que el 83.9% fueron positivos para anticuerpos IgG contra DENV, 65% contra ZIKV y 59.1% contra CHIV. La presencia de anteriores y actuales infecciones y coinfecciones diagnosticadas por estudios moleculares e inmunológicos indican una amplia circulación del virus en zika y Chikunguña, no detectado por el sistema de vigilancia epidemiológica, por lo que, es importante establecer sistemas epidemiológicos proactivos más estrictos, especialmente porque estas infecciones en mujeres embarazadas pueden causar graves problemas de salud para niños recién nacidos.

**CM 08****ENFERMEDAD DE LEGG-CALVÉ- PERTHES Y OTRAS  
ENFERMEDADES RARAS EN MÉXICO**

Hernández Zamora E.

Medicina Genómica, Instituto Nacional de Rehabilitación

Las enfermedades raras (ER) son aquellas con baja incidencia y en ocasiones de etiología desconocida, por lo que son poco comunes. Sin embargo, hay gran cantidad de personas afectadas por este tipo de padecimientos en el mundo. La Organización Mundial de la Salud (OMS) estima que existen unas 7000 ER que afectan al 7% de la población. Las ER, enfermedades poco comunes, enfermedades minoritarias o enfermedades poco frecuentes. Incluye un conjunto de enfermedades que tienen ciertas características tales como: Aparecen con baja frecuencia, menos de 5 casos por 10,000 habitantes. Presentan muchas dificultades diagnósticas y de seguimiento. Tienen un origen desconocido en la mayoría de los casos. Falta de información y de conocimiento científico acerca de su origen y evolución. Conllevan múltiples problemas de salud, sociales, psicológicos, educativos y laborales. Existen pocos datos epidemiológicos. Plantean dificultades en la investigación debido a los pocos casos. Carecen en su mayoría de tratamientos efectivos. En México, la Comisión para el análisis, evaluación, registro y seguimiento de las enfermedades raras ha incluido 20 enfermedades raras y 2 que se encuentran en trámite. Por ellos la importancia de dar a conocer estas enfermedades y difundirlas, para que haya un mejor trato a los pacientes con estas enfermedades. Las enfermedades raras (ER) son de baja incidencia o de etiología desconocida. La enfermedad de Legg-Calve-Perthes (ELCP) es una ER que aqueja a niños de 4 a 10 años. Inicia con una necrosis avascular de la cabeza del fémur. Sin embargo, su patogénesis se desconoce. Se ha asociado a hiperactividad con traumatismo subclínico en la cabeza femoral, bajo peso al nacer, tabaquismo pasivo o materno, oclusión arterial, entre otras. Objetivo: Determinar los factores de coagulación (FC): I, II, V, VII, VIII, IX, X, XI, XII, las proteínas antitrombóticas (PA): PC, PS, AT, el Factor de Von Willebran (FVW) y homocisteína (Hcy). Y explorar las asociaciones de las variantes en genes protrombóticos *MTHFR rs1801133*, *CBS rs115742905*, *PT rs1799963* y estructurales en *COL1A1 rs1107946* y *rs2412298*, *COL2A1 rs121912891* y *rs24122948*, en pacientes con ELCP y controles. Se estudiaron 23 pacientes con ELCP y 46 controles. Se realizaron pruebas básicas de coagulación: TP, TTP y el INR. pruebas especiales: la actividad de los FC, PA, FVW y Hcy. Genotipificación: Con El DNA genómico se genotipificó en los genes *MTHFR*, *CBS*, *PT*, *COL1A1* y

*COL2A1*. Se encontró disminuido el TT; los factores V, VIII y IX, PS y Hcy fueron mayores en pacientes con respecto a los controles. La ELCP parece ser una enfermedad multifactorial. El aumento en la actividad de FV, FVIII, FIX, la asociación entre los niveles moderadamente elevados de Hcy y el polimorfismo MTHFR C677T, indican una predisposición a presentar estados protrombóticos y con ello una tendencia por parte de los pacientes a presentar trombofilia y apoyan la hipótesis de la formación de micro-trombos en vasos de pequeño calibre, lo que podría estar causando la avascularidad y la necrosis femoral característica de ELCP.

**CM 09****FACTORES GENÉTICOS EN OSTEOPOROSIS: IMPACTO DE LAS  
VARIANTES GÉNICAS EN MÉXICO**

Casas Avila L.

Medicina Genómica, Instituto Nacional de Rehabilitación

El mantenimiento del tejido óseo involucra a la resorción ósea (RO) por osteoclastos, y la formación ósea (FO), dada por osteoblastos. El desequilibrio entre estos procesos, puede producir osteoporosis (OP). La OP es un problema de salud pública en el mundo, es un padecimiento multigénico y multifactorial caracterizado por disminución de la densidad mineral ósea (DMO) y alteración de la microarquitectura del hueso, originando mala calidad ósea y riesgo de fracturas. En la OP están involucrados factores como la etnia, el género, la presencia de variantes genéticas, estatus hormonal, estilo de vida, hábitos alimenticios, actividad física, etc. Entre el 70% y 85% de la disminución de la DMO se relaciona con la genética y la edad. En las mujeres esta pérdida debida a la edad, es más marcada a partir de la menopausia, por la disminución drástica de estrógenos y el aumento la RO. Hemos reportado polimorfismos asociados a OP y fracturas en población mexicana. Estamos explorando el papel de algunos factores epigenéticos (RNAs) en la OP en mujeres mexicanas; consideraremos también la participación de comorbilidades en mujeres con fractura y también estamos determinar los niveles de metilación de algunos genes importantes en el metabolismo óseo (RANK, RANK-L y OPG). También analizaremos polimorfismos en las secuencias de algunos RNAs largos no codificantes (lncRNAs), asociados con la DMO que pueden servir como indicadores de riesgo. Con todo ello, tendremos un panorama más amplio del impacto de muchos factores en la susceptibilidad a la OP en mujeres mexicanas.

CM 10

**LA COMPLEJA RELACIÓN DE *Trypanosoma cruzi* y *Leishmania* spp. CON LA FAUNA SILVESTRE**

Muñoz García C.I.

Departamento de Producción Agrícola y Animal, UAM-Xochimilco.

Los protozoarios *Leishmania* spp. y *Trypanosoma cruzi* pertenecen a la familia Trypanosomatidae, son causantes de la leishmaniasis y la enfermedad de Chagas, respectivamente, y son considerados padecimientos de negligencia por la OMS. En ambos casos existen complejos ciclos de transmisión silvestre, aún poco comprendidos, en los que los artrópodos vectores, moscas Psychodidae y chinches Reduviidae, pueden adquirir a estos parásitos al succionar sangre de distintos vertebrados silvestres. En el presente se relatan los hallazgos recientes de ambos parásitos en animales silvestres de México, a través de estudios realizados a través de la vigilancia activa en poblaciones de prociónidos del estado de Tabasco y la vigilancia pasiva a través de la búsqueda en animales silvestres atropellados en tres estados del sureste de México (Chiapas, Veracruz y Tabasco). El primer caso relata la dinámica de *Trypanosoma cruzi* en dos poblaciones, una de coatíes (*Nasua narica*) y otra de mapaches (*Procyon lotor*), ambos localizados bajo las mismas condiciones naturales en el Parque Museo de la Venta. El segundo caso relata el hallazgo de *Leishmania mexicana* por primera vez en México en el oso hormiguero *Tamandua mexicana*, en uno de 16 individuos atropellados evaluados. Finalmente, se concluye con el hallazgo más reciente relacionado con la identificación de material genético de *Trypanosoma cruzi* en cuatro de cinco tejidos analizados de un ave de la especie *Tyto furcata*. Este hallazgo rompe el paradigma establecido hace varias décadas acerca de la especificidad del parásito hacia los mamíferos.

**CM 11****LA DOBLE HÉLICE: 70 AÑOS DESPUÉS**

Castañeda-Partida L.

Laboratorio de Genética Toxicológica. FES Iztacala, UNAM.  
lauracp@campus.iztacala.unam.mx

El 25 de abril de 1953 James Watson y Francis Crick publicaron un artículo de una página y 900 palabras en inglés en la revista científica *Nature* proponiendo una estructura química para el ácido desoxirribonucleico (DNA): la doble hélice. Este fue el gran avance científico de la Biología del siglo XX, y a lo largo de sólo 70 años, ha dado paso a la generación de conocimiento como nunca antes en la Historia de la Humanidad. Actualmente conocemos la existencia, estructura y función del RNA mensajero y el RNA de transferencia, el código genético por tripletes de bases, las enzimas y los procesos de la replicación, transcripción y traducción del material genético. Descubrimos la retrotranscriptasa viral, las enzimas de restricción de bacterias, se encontró la manera de secuenciar el DNA, se postuló el Dogma Central de la Biología, se describieron los nucleosomas alrededor de los cuales comienza a empaquetarse el DNA en la célula, se aprendió a clonar genes en vectores bacterianos y virales y nació la Biotecnología. Se comprendió mejor la anatomía del gen, la expresión génica y su regulación, el empalme alternativo, los diferentes tipos de microRNAs, se desarrolló la técnica de huella génica por Southern blot y la PCR hizo posible sintetizar DNA fuera de la célula. Después llegó la terapia génica, la transgénesis vegetal y animal, las bases de datos de secuencias de DNA y proteínas lo que a su vez hizo necesaria la Ciencia de datos (bioinformática, ciencias computacionales y bioestadística). Ahora existen los mapas genéticos, citogenéticos y físicos de múltiples especies y se usan marcadores genéticos para identificación de personas y diagnóstico de enfermedades; por otro lado, los microarreglos de expresión hicieron posible hacer más de una pregunta experimental a la vez en el contexto de, por ejemplo, salud vs enfermedad, y la técnica de FISH permitió detectar la presencia de genes causantes de enfermedad además de deleciones y translocaciones en los cromosomas. En la última década del siglo XX se clonó un mamífero por primera vez, se comenzó el Proyecto Genoma Humano y se secuenciaron los genomas de los principales organismos modelo y de patógenos. El principio del siglo XXI ha presenciado el desarrollo de la Genómica, Proteómica, Epigenética, las técnicas de secuenciación de siguiente generación (NGS) más rápidas, eficientes y baratas, la secuenciación de una célula (scRNAseq), la edición genética precisa mediante CRISPR/Cas9, y el uso cada vez más necesario de algoritmos de Inteligencia Artificial (IA) para hacer sentido y mejorar el manejo y análisis de los datos masivos de secuencias genéticas, de aminoácidos, dilucidar estructura y función de proteínas, la búsqueda de "genes blanco" de fármacos más eficientes y mejor dirigidos y el estudio de procesos subyacentes a enfermedades humanas. Bienvenidos al futuro.

**CM 12****BIOLOGÍA MOLECULAR DE PECES NATIVOS EN TABASCO**

Jiménez-Martínez L.D.<sup>1\*</sup>, Álvarez-González C.A.<sup>2</sup>, Asencio-Alcudia G.G<sup>2</sup>,  
Martínez-García R.<sup>2</sup>, Morales-García V.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>División Académica Multidisciplinaria de Jalpa de Méndez, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. C.P. 86205. Jalpa de Méndez, Tabasco, México.

\*luisd1984@hotmail.com. <sup>2</sup>Laboratorio de Acuicultura Tropical, División Académica de Ciencias Biológicas. Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. C.P. 86650.

Villahermosa, Tabasco, México. <sup>3</sup>División Académica Multidisciplinaria de Comalcalco, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. C.P. 86150. Comalcalco, Tabasco, México.

El cultivo de peces nativos como el pejelagarto (*Atractosteus tropicus*) y la mojarra tenguayaca (*Petenia splendida*) representan una actividad importante debido a su alta demanda en la cocina tradicional tabasqueña, artesanías y ornato. En los últimos 20 años se han realizado diversos estudios con estas especies, desde el aspecto de reproducción, larvicultivo, fisiología digestiva, alimentación y nutrición, esto ha permitido avances en el cultivo. Sin embargo, son pocos los estudios de biología molecular cuya herramienta es importante para conocer los procesos fisiológicos de estas especies que nos ayudara para identificar los principales genes implicados en el metabolismo para mejorar el cultivo en condiciones de laboratorio. En este sentido, el objetivo de nuestro estudio fue clonar y caracterizar genes implicados en el metabolismo de lípidos y carbohidratos, así como aplicar métodos bioinformáticos para conocer el gen más estable para realizar estudios de expresión génica. Se realizó la extracción de ARN en larvas y en diferentes tejidos en adultos de la mojarra tenguayaca y pejelagarto mediante trizol, posteriormente se realizó la síntesis del ADNc mediante transcripción reversa. En la amplificación de los fragmentos para secuencia de los genes mencionados, se emplearon oligonucleótidos como ACC1, FAS, CPT1, GLUT2, SREBP1 para su amplificación mediante PCR punto final y tiempo real. Para el análisis bioinformático de estabilidad se usaron los softwares GenNorm, Bestkeeper y Normfinder. Los resultados mostraron una mayor expresión de los genes en los tejidos como hígado y musculo donde juegan un papel importante en los procesos metabólicos de lípidos y carbohidratos. Mientras, que los genes más estables en larvas y adultos fueron el 18S ribosomal y el EF1.

**CM 13****DE LA CITOGÉNÉTICA CLÁSICA A LA CITOGÉNÓMICA**

Salas Labadía C.

Laboratorio de Genética y Cáncer, Instituto Nacional de Pediatría

Para comprender el papel que desempeñan las alteraciones cromosómicas en enfermedades congénitas, y cáncer entre otros, el análisis citogenético representa una parte integral de la medicina genómica actual. Alteraciones cromosómicas, incluidas aneuploidías, deleciones, duplicaciones y reordenamientos cromosómicos, pueden provocar a nivel molecular, una mala regulación de la expresión génica o la generación de proteínas con nuevas funciones, que se asocien con las manifestaciones clínicas en los pacientes. Los estudios citogenéticos tradicionales utilizan el cariotipo y/o hibridación *in situ* con fluorescencia (FISH) para analizar cromosomas, permitiendo identificar alteraciones numéricas como monosomías y trisomías, reordenamientos cromosómicos y grandes deleciones o duplicaciones. Sin embargo, estos métodos están limitados por su resolución y en algunos casos, con la necesidad de utilizar cultivos celulares para la obtención de cromosomas en metafase, lo que conlleva tiempo y experiencia para el análisis. Como resultado de los avances en tecnologías de alto rendimiento, la citogenética se apoya actualmente de herramientas genómicas para poder superar limitantes como la resolución y el tiempo de análisis. Los microarreglos (arrayCGH y SNParray), la secuenciación de siguiente generación (NGS) y recientemente el mapeo genómico óptico, son técnicas que se utilizan para obtener una visión integral de las alteraciones genómicas. Con este nuevo enfoque se busca ampliar la detección de alteraciones genómicas, lo que beneficia de manera directa al paciente, obteniendo un análisis global de las alteraciones genéticas que pudieran asociarse con la enfermedad.

**CM 14****DESARROLLO DE LA GENOTOXICOLOGÍA EN EL LABORATORIO DE RADIOBIOLOGÍA CELULAR DEL ININ**

Morales y Ramírez P.

Departamento de Biología, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares

En la conferencia se presenta un resumen de poco más de 40 años de investigación científica en el área de genotoxicología, empleando el modelo *in vivo* en células de ratón. Se presentan algunos trabajos que fueron la base para diferentes líneas de investigación. El primero en 1980 con la publicación de un trabajo en que se reporta un nuevo modelo experimental para analizar los intercambios en la cromátidas hermanas (ICH) *in vivo* en células de la médula ósea y de la glándula salival de ratón, basado en la administración intraperitoneal de la bromodesoxiuridina adsorbida a carbón activado. Este logro permitió hacer estudios en diferentes tejidos, con distintos agentes mutágenos, con radioprotectores, antimutágenos y medicamentos. Un segundo trabajo en el que mediante la tinción de las cromátidas hermanas en tres tonos, se determinaron los ICH que ocurren en tres ciclos de división subsecuentes y si los ICH ocurren en un mismo sitio en divisiones sucesivas causadas por el tratamiento con radiación gamma en células de la médula ósea de ratones *in vivo*. Este estudio fue la base para explorar el comportamiento de las lesiones inductoras de ICH producidas por mitomicina C, ciclofosfamida, metilmetano sulfonato, etilmetano sulfonato, dimetilnitrosamina, etilnitrosourea. Un tercer artículo que reporta la aplicación del modelo experimental para determinar la inducción de ICH en células de la glándula salival de ratones. Este modelo aprovecha que las células de la glándula salival normalmente quiescentes son inducidas a dividirse una vez por la administración de isoproterenol, se pueden volver a inducir con subsecuentes administraciones. Esto permite no sólo el control de la división sino establecer el tiempo en que ocurren las etapas del ciclo celular. Por lo que permite además establecer el efecto de la incorporación de BrdU. Se hicieron estudios comparando la inducción de ICH en G1 temprana y tardía en el primero y segundo ciclos de división por radiación, mitomicina C y después por metilmetanosulfonato, etilmetanosulfonato, metilnitrosourea y etilnitrosourea. Posteriormente se describe un trabajo para probar si la inducción de daño al ADN es diferente por la exposición aguda o crónica a una misma dosis de radiación, empleando la inducción de micronúcleos (MN) en normoblastos *in vivo*, mediante la detección de los MN en eritrocitos de sangre periférica. Se determinó la frecuencia de MN a diferentes tiempos después de la irradiación con 1 Gy de rayos gamma

administrado en 10, 100, 1000 y 10,000 minutos y la comparación se hizo mediante el área bajo la curva. Los resultados indicaron que la inducción de MN y por lo tanto de daño fue igual, independientemente de la razón de dosis. Muy ligado a este estudio, se hizo la determinación del efecto de la clorofilina sobre la inducción de daño por radiación. Los resultados indicaron que la clorofilina modificó la cinética de inducción de MN, pero la comparación mediante el área bajo la curva, el tratado con clorofilina fue menor al expuesto únicamente con radiación, pero la diferencia no fue estadísticamente significativa. Lo interesante es que la comparación a tiempos fijos permitía llegar a diferentes conclusiones como: radioprotección total, 50% de radioprotección, nada de protección e incluso efecto radiosensibilizador. Esto nos llevó a concluir la importancia de medir el efecto genotóxico a través de la cinética y no a tiempo fijo. Esto se hizo en varios agentes alquilantes mono y bifuncionales, aneugenos y antimetabolitos. Los resultados resumidos se publicaron en un artículo de revisión en *Toxicology Letters*. En otro trabajo propusimos la modificación de los lineamientos de la OCDE para el uso de la prueba de micronúcleos en ratones *in vivo*. El uso de la determinación de la cinética de inducción de MN también permitió estudiar el efecto radiosensibilizador de dosis bajas de bromodesoxiuridina. Otro trabajo que fue pionero para nuestros estudios fue la determinación del daño al ADN producido por radiación gamma y su reparación mediante electroforesis unicelular en gel en leucocitos de ratón *in vivo*. Que fue la base para estudiar la respuesta adaptativa y la radioprotección. Este ensayo también permitió el desarrollo de un modelo experimental para determinar la inducción de radioresistencia permanente en leucocitos de ratón *in vivo*. En un futuro seguiremos estudiando la radiosensibilización, la inducción de radioresistencia y la radiosensibilización de células radioresistentes.

**CM 15****LA HERRAMIENTA SECRETA DE LA MEDICINA: *Drosophila melanogaster***

Campos Aguilar M.

FES Iztacala UNAM

*Drosophila melanogaster*, también conocida como la mosca de la fruta, es un organismo modelo ampliamente utilizado en la investigación biomédica. Su impacto en este campo es notable y se debe a varias razones clave que incluyen sus características como organismo modelo, a su historia en la investigación científica y su contribución a descubrimientos que han llevado a premios Nobel. Algunas de las características que hacen a *Drosophila melanogaster* un organismo modelo único son: Ciclo de Vida Corto: lo que permite estudiar múltiples generaciones en un corto período de tiempo; esto es particularmente útil para investigar la herencia genética y los efectos de las mutaciones. Conservación de Genes: A pesar de las diferencias evidentes entre las moscas de la fruta y los seres humanos, muchos de los genes y vías biológicas clave son conservados entre ambas especies. Esto hace que *Drosophila* sea relevante para comprender los procesos biológicos fundamentales. Facilidad de Manipulación Genética: La genética de *Drosophila* es bien comprendida, lo que facilita la manipulación genética. La historia de *Drosophila melanogaster* en la investigación científica se remonta a principios del siglo XX. Thomas Hunt Morgan, un pionero en genética, y su equipo en la Universidad de Columbia llevaron a cabo experimentos clave utilizando *Drosophila*. En 1933, Th. H. Morgan recibió el Premio Nobel en Fisiología y Medicina por su trabajo pionero en genética utilizando *Drosophila*. Estos experimentos ayudaron a establecer los principios básicos de la herencia genética, incluyendo la idea de los cromosomas y los genes ligados al sexo. *Drosophila melanogaster* ha contribuido significativamente al entendimiento de numerosos procesos biológicos y ha sido fundamental en la investigación biomédica en varios aspectos: Investigación del Desarrollo: *Drosophila* ha sido utilizado para estudiar el desarrollo embrionario y la formación de órganos, lo que ha llevado a una mejor comprensión de la embriogénesis. Genética Humana: Los genes homólogos en *Drosophila* y los seres humanos han proporcionado información valiosa sobre genes implicados en enfermedades genéticas. Enfermedades Humanas: *Drosophila* se ha utilizado para modelar enfermedades humanas, como el síndrome metabólico, el cáncer y las distrofias musculares, lo que ha llevado a la identificación de genes y vías relacionados con estas enfermedades. *Drosophila melanogaster* ha tenido un impacto significativo en la investigación del síndrome metabólico, el cáncer y la distrofia muscular al proporcionar un sistema modelo versátil para estudiar genes, vías y procesos relacionados con estas enfermedades. Sus contribuciones han llevado a una mejor comprensión de la biología subyacente de estas condiciones y han allanado el camino para el desarrollo de enfoques terapéuticos potenciales. A futuro *Drosophila melanogaster* seguirá siendo una herramienta valiosa en la investigación de enfermedades. A medida que avancen las

tecnologías y se profundice en la comprensión de la biología, se esperan avances emocionantes en la investigación biomédica que contribuirán a la prevención y el tratamiento de enfermedades en humanos que lleven a la medicina personalizada.

**CM 16****LOS BOVINOS CRIOLLOS Y SU IMPORTANCIA EN LA GANADERÍA TROPICAL**

Rosales Martínez F.

Coordinación Académica de Medicina Veterinaria y Zootecnia, FMEA, UNACH

Los bovinos criollos comprenden genotipos *Bos taurus* enfocados a la producción de leche y carne, que descienden del ganado introducido al continente americano durante la época de la conquista. A partir de su llegada, este ganado se multiplicó y por muchos años fue la ganadería que predominó, hasta la introducción de las razas *Bos indicus* y posteriormente las *Bos taurus* altas productoras. Debido al cruzamiento sin control, las poblaciones de bovinos criollos se han visto reducidas. Por lo cual, es importante presentar su contribución a la ganadería tropical. Los bovinos criollos, a través de más de 500 años de naturalización, han generado características de adaptación que les permiten reproducirse y producir en condiciones adversas, los que viven en climas cálidos presentan pelo corto, piel pigmentada, tolerancia a endo y ectoparásitos y capacidad forrajera. Además, una alta proporción de ejemplares de estas razas son portadoras del gen Slick para el pelo corto, lo que les permite una mejor termorregulación de su temperatura corporal. Se han realizado investigaciones para conocer los aspectos reproductivos de estos animales en condiciones de pastoreo y se ha observado una alta fertilidad, por lo que actualmente se realizan estudios enfocados a las biotecnologías reproductivas, que permitan expandir y mejorar los hatos existentes de ganado criollo puro. Con respecto a la producción, se ha observado una alta frecuencia de los genotipos BB y AB para Kappa Caseína de la leche, que les confiere una mayor producción de queso. De igual forma, se han observado cortes de alta calidad en genotipos criollos enfocados a la producción de carne. Por lo anterior, los bovinos criollos han sido utilizados para la formación de nuevos genotipos, en cruzamientos con razas no adaptadas a las condiciones tropicales. Además, se continúan realizando investigaciones, para contribuir en una mayor escala a la producción de alimentos de alta calidad con genotipos locales propios adaptados.

**CM 17****USO DE HERRAMIENTAS DE BIOLOGÍA MOLECULAR EN EL DIAGNÓSTICO DE HONGOS FITOPATÓGENOS**

Torres-de la Cruz M.

División Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco.  
Km. 0.5 Carretera Villahermosa-Cárdenas, CP 86150, Villahermosa, Tabasco, México

La fitopatología es la ciencia que estudia las enfermedades de las plantas, sus agentes causales, las condiciones ambientales favorables, la relación planta-patógeno y los métodos para prevenirlos, manejarlos o controlarlos. Los agentes causales pueden ser bióticos y abióticos; por lo cual, las enfermedades pueden también clasificarse en infecciosas y no infecciosas. En las plantas, las enfermedades infecciosas pueden ser causadas por virus, viroides, plantas parásitas, bacterias, protozoarios, pseudohongos, hongos y nematodos; donde los hongos son el grupo que más enfermedades ocasionan. Cada tipo de cultivo puede ser afectado por diversos patógenos, los cuales perjudican a las plantas y sus productos; además, ponen en riesgo la estabilidad de los ecosistemas y la seguridad alimentaria. El diagnóstico correcto y oportuno del agente causal permite establecer medidas adecuadas de control y disminuir el impacto que pueden causar las poblaciones de patógenos. Dentro de las técnicas tradicionales de diagnóstico de hongos se han usado el examen detallado de síntomas, claves taxonómicas empleando caracteres morfológicos, morfométricos y microscopía (óptica y electrónica); así como bioensayos de patogenicidad. Actualmente, las técnicas moleculares basadas en DNA se han convertido en herramientas complementarias para un diagnóstico eficaz, preciso y confiable, donde la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y la secuenciación de ADN juegan un papel fundamental. La PCR, permite amplificar regiones específicas de ADN; el desarrollado variantes de esta técnica (p. ej. qPCR y PCR digital) permiten cuantificaciones relativas y absolutas de las copias de DNA generadas. Al respecto, la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) es uno de los métodos moleculares de mayor eficiencia en el diagnóstico de enfermedades vegetales, permitiendo identificar especies, así como genotipos dentro de una misma especie. Por su parte, la secuenciación permite determinar la secuencia de los nucleótidos del ADN amplificado con utilidad en la filogenia de los organismos en estudio y en la separación de especies crípticas. La elección del método de análisis dependerá del organismo estudiado y de su variabilidad genética.

**CM 18****EXPERIENCIAS EN LA ATENCIÓN DE PACIENTES CON ENFERMEDADES LISOSOMALES EN EL ESTADO DE CHIAPAS**

Sesman Bernal C.

Clínica de Enfermedades Lisosomales del Hospital de Especialidades Pediátricas, CRAE Ciudad Salud en Tapachula, Chiapas

El descubrimiento de la existencia, función, fisiología y patología de las Enfermedades Lisosomales, así como su traducción en enfermedades y cómo afectan a los seres humanos, nos remonta a una historia de apenas 70 años. Por ende, la creación de terapias de reemplazo enzimático para el tratamiento de estas patologías, con medicamentos conocidos como "huérfanos", se emplea desde hace unos 35 años. En el año 2006 el Gobierno Federal da cumplimiento al reto de acercar la medicina de alta especialidad a las poblaciones más vulnerables del país con la creación de los Hospitales Regionales de Alta Especialidad. Para Chiapas se cumple este objetivo con el surgimiento del Centro Regional de Alta Especialidad, conformado por dos unidades aplicativas, una de ellas, el Hospital de Especialidades Pediátricas en Tuxtla Gutiérrez. A 5 años de haber iniciado la operación de este Hospital y en cumplimiento al Decreto Presidencial emitido en el año 2011 para la atención de Enfermedades Raras, se crea la Clínica de Atención a Enfermedades Raras, logrando la acreditación del servicio en el año 2012, lo que permite garantizar a los pacientes la terapia de reemplazo enzimático a partir del Fondo de Protección contra Gastos Catastróficos. Atendiendo desde entonces 45 pacientes portadores de una enfermedad por depósito Lisosomal. Actualmente en el Hospital de Especialidades Pediátricas, la Clínica de Enfermedades Raras otorga tratamiento de reemplazo enzimático hoy en día a 28 niños de diversas patologías como Hurler (MPS Tipo I), Hunter (MPS Tipo 2), Gaucher tipo 3 y mucopolisacaridosis tipo VI. Además de contar con la primera sala de Infusión ambulatoria pediátrica del Sureste del país donde se administran, no solo terapias de reemplazo enzimático si no otros tratamientos para pacientes portadores de Enfermedades Reumatológicas, Inmunoterapia de Corta estancia para pacientes con Inmunodeficiencias Congénitas atendidas por Alergia e Inmunología Clínica y siendo el único hospital del estado de Chiapas que cuenta con el programa de Educación Intrahospitalaria llamado "Sigamos aprendiendo en el Hospital" para evitar el rezago educativo, en éstos pacientes y niños que padecen cáncer e Insuficiencia Renal.

**CM 19****MUCOPOLISACARIDOSIS EN MÉXICO**

Hidalgo Bravo A.

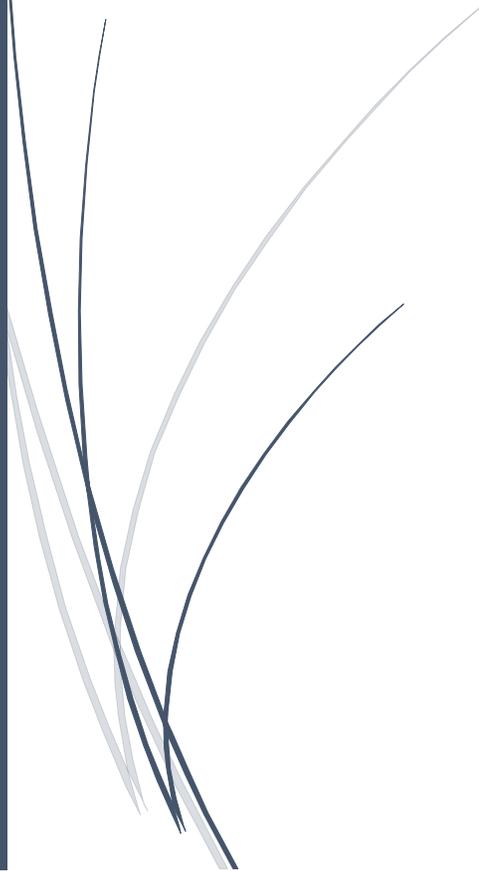
Servicio de Medicina Genómica, Instituto Nacional de Rehabilitación

Las mucopolisacaridosis (MPS) son un grupo de enfermedades genéticas, provocada por la ausencia o deficiencia de una de las enzimas responsables de desintegrar los glicosaminoglicanos (GAGs) en las células. Al no poder desintegrarse y reciclarse, los GAGs se va acumulando en los lisosomas de las células de todo el cuerpo, causando daño grave y progresivo a distintos órganos. Son un grupo de enfermedades de difícil identificación debido a la manera como se van presentando los síntomas. La edad promedio de diagnóstico en México son los 6 años y es común que se confunda con Déficit de Atención, Autismo y/o un retraso generalizado del desarrollo. Los pacientes al nacimiento son aparentemente sanos y después de un periodo de desarrollo normal, entre los 2 y los 3 años de edad, comienza con otitis e infecciones de vía aérea recurrentes, retraso en el lenguaje y aprendizaje. A los 3 o 4 años de edad, los problemas severos de comportamiento y el declive intelectual son lo característico. Las neumonías, problemas respiratorios, distonía, crisis epilépticas y/o convulsivas son frecuentes. Actualmente existe terapia de reemplazo enzimático para diversas MPS. El manejo de los pacientes debe ser multidisciplinario y dirigido a la sintomatología que se presente.



CNG 2023

# Simposios



Rev. Int. Contam. Ambie. 39

DOI: <https://doi.org/10.20937/RICA.2023.39.SMGM>

**SIM 01**  
**Simposio: Genética de organismos  
de interés alimenticio**

**SIM 01-01****METAGENOMA EN QUESOS ARTESANALES: IDENTIFICACIÓN DE LA MICROBIOTA NATIVA DEL QUESO DE PORO**

Jiménez-Guillen D.

Investigador por México CONAHCYT en la Facultad Maya de Estudios Agropecuarios de la UNACH doribet.jimenez@unach.mx.

Los alimentos artesanales simbolizan la historia y la cultura de las sociedades, son también una estrategia de desarrollo para productores rurales de países en economías emergentes y desarrolladas y es un saber-hacer que debe rescatarse y preservarse. Sin embargo, a pesar de su importancia cultural, antropológica y, en algunos casos, económica, este tipo de alimentos, por su naturaleza y tecnología, la cual está fuertemente vinculada con el medio ambiente y la tradición rural mediante el uso de técnicas sencillas y rudimentarias carecen de características de calidad estandarizadas, lo que debilita su venta en el mercado frente a los alimentos industrializados. Tal es el caso del queso de Poro producido de forma artesanal, el queso de poro, tiene importancia cultural y económica en la región de los Ríos (Balancán, Tenosique, Tabasco) una región ganadera, su elaboración es con leche cruda (no pasteurizada) utensilios rústicos, y la falta de control estricto de los parámetros del proceso, por tal motivo no cumple con la normativa mexicana "NOM-243-SSA1-2010" de inocuidad alimentaria, esto puede representar un problema de salud para los consumidores. Para promover su comercialización es necesario contar con las buenas prácticas de manufactura y conocer las características finales del producto, las cuales se puede lograr después de una caracterización integral de los perfiles químicos, microbiológicos y sensoriales. Actualmente para describir los ecosistemas microbianos complejos, tales como el del queso, se han empleado diferentes métodos como; pruebas bioquímicas API 50CH, la electroforesis en gel con gradiente desnaturante (DGGE), basado en la separación de secuencias específicas amplificadas mediante PCR de regiones del gen 16S rRNA, sin embargo, la identificación de bacterias es limitada. Un enfoque con alto poder de resolución, que nos permita conocer la identidad de las bacterias que forman la microbiota de quesos artesanales es a través de la metagenómica, una herramienta que nos permite identificar la totalidad de microorganismos presentes en una muestra, a nivel de género y especie, mediante la amplificación y secuenciación de su ADN, sin necesidad de que sean cultivables en el laboratorio. Mi investigación se centra en la identificación de los microorganismos que integra la microbiota nativa del queso de poro artesanal y evaluar su

efecto en la calidad del producto terminado utilizando leche pasteurizada, obteniendo así, un producto de calidad libre de agentes contaminantes.

**SIM 01-02****USO DE LA TRANSCRIPTÓMICA EN LOS ESTUDIOS DE FISIOLÓGÍA Y NUTRICIÓN EN PECES NATIVOS DEL SUR DE MÉXICO**

Alvarez-González C.A.\*, Martínez-Burguete T., Martínez-García R.,  
Tovar-Ramírez D., Jiménez-Martínez L.D., Galaviz M.A.,  
de la Rosa-García S.C., Alvarez-Villagómez C.S., Asencio-Alcudia G.G.,  
Sepúlveda-Quiroz C., Pérez-Jiménez G.M.

Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. \*alvarez\_alfonso@hotmail.com

Las investigaciones en el cultivo de peces nativos del sureste de México se han incrementado con los años, particularmente con la especie dulceacuícola más importante de Tabasco como es el pejelagarto (*Atractosteus tropicus*). Estos estudios se han venido realizando en la División Académica de Ciencias Biológicas hace más de 30 años, lo que ha permitido cerrar el ciclo de vida y desarrollar la tecnología para el cultivo a escala comercial de esta. En este aspecto, uno de los principales problemas a los que se enfrentan los productores es el alto costo del alimento balanceado, por lo que a nivel comercial solamente se cuentan con alimentos para tilapia, los cuales son bajos en proteína además de ser elaborados con altas cantidades de ingredientes vegetales, como la soya, ya que esta especie es omnívora. Por otro lado, los alimentos de trucha que contienen altas concentraciones de proteína y lípidos de origen marino (harina y aceites de pescado), y donde la trucha, al ser un pez carnívoro estricto de aguas templadas, requiere este tipo y cantidad de nutrientes, los cuales exceden el requerimiento nutricional para los alimentos de pejelagarto, el cual es considerado una especie carnívora con tendencia a la omnivoría en función de su fisiología digestiva. Es así como ambos tipos de alimentos no son adecuados para el cultivo de pejelagarto. Se realizaron diversos experimentos para determinar el requerimiento nutricional de la especie en cada etapa de desarrollo (50 – 37 % de proteína y 15 – 7 % de lípidos en la dieta para larvas y juveniles, respectivamente), y la evaluación de los cambios morfológicos del sistema digestivo a través de técnicas histológicas, lo que ha permitido desarrollar una línea específica de alimentos balanceados para el cultivo de la especie en función de la capacidad enzimática digestiva y los aspectos morfofisiológicos. Es así como se conocen los cambios en la digestión y absorción de los nutrientes, por lo que actualmente se ha logrado desarrollar una marca de alimentos balanceados que se produce en Guadalajara y que fue validada a nivel comercial en la engorda de pejelagarto en una empresa privada en Balancán, Tabasco. A partir de todos estos estudios, en 2018 se inició un proyecto para optimizar las formulaciones de alimentos balanceados, particularmente en etapas iniciales de vida (larvas y juveniles), de tal forma que se logró obtener un financiamiento por medio del CONAHCyT a través de la convocatoria de Ciencia Básica denominado "Estudio de la fisiología digestiva en larvas y juveniles del pejelagarto (*Atractosteus tropicus*) con base en técnicas histológicas, bioquímicas y moleculares. El objetivo fue estudiar los aspectos relacionados a

la fisiología digestiva por medio del uso de aditivos funcionales (pre y probióticos) en dietas balanceadas para la producción de larvas y juveniles del pejelagarto. Como parte del estudio, previamente se analizó el transcriptoma para la búsqueda de marcadores nutrigenómicos en estadios iniciales de vida, con lo que se han obtenido las secuencias específicas de diversas rutas metabólicas y en la síntesis de enzimas, así como la validación de genes domésticos para *A. tropicus*. De esta forma, en el proyecto se han evaluado diversos prebióticos como el manano oligosacárido (MOS), fructo oligosacáridos (FOS),  $\beta$ -glucanos ( $\beta$ -glu), e inulina (Inu), así como un probiótico, la levadura *Debaryomyces hansenii* en alimentos para larvas y juveniles. Los parámetros fisiológicos que se han estado evaluando involucran la actividad de enzimas digestivas con técnicas bioquímicas, los cambios en la morfología celular del intestino e hígado de los animales, así como los aspectos de la medición de la expresión genómica de enzimas digestivas, enzimas del sistema inmune, y de integridad de la membrana epitelial intestinal. Los resultados de nuestras investigaciones hasta el momento han permitido optimizar las formulaciones de los alimentos balanceados para mejorar el crecimiento, la supervivencia y la resistencia al manejo (estrés) de los juveniles del pejelagarto por medio de la adición de 0.2% de MOS, 0.5% de FOS, 0.5% de  $\beta$ -glu y concentraciones menores a 0.5% ( $1 \times 10^{10}$  UFC/Kg de alimento). Por su parte, se han obtenido resultados prometedores en el uso de estos prebióticos en las larvas de *A. tropicus* como son la inclusión de 0.6% de MOS, 0.75% de MOS, 0.4-0.6% de  $\beta$ -glu, y de 2 a 2.5% de inulina. En la actualidad se están desarrollando nuevas investigaciones a fin de ampliar la gama de aditivos funcionales como los galactooligosacáridos (GOS) y propionato de sodio, así como la evaluación de levaduras (*Debaryomyces hansenii*, *Candida albicans* y *Yarrowia lipolytica*), además de la evaluación de simbióticos (FOS-MOS-GOS y *Lactobacillus* spp.), lo que permitirá contar con alimentos funcionales altamente eficientes, lo que redituará en una mejora de la producción utilizando alimentos desarrollados de forma específica para el cultivo de pejelagarto.

**SIM 01-03****USO Y APILCACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES EN PRODUCCIÓN ANIMAL**

López Velázquez M.M.

Facultad Maya de Estudios Agropecuarios, UNACH. [monserrat.lopez@unach.mx](mailto:monserrat.lopez@unach.mx)

La biotecnología genómica en el área animal es una realidad necesaria en México, derivado de la demanda de productos pecuarios tanto a nivel nacional como internacional. La ganadería mexicana destaca por ser el onceavo productor mundial de productos pecuarios y el sexto productor mundial de carne de res. Esta situación permite que la biotecnología genómica incida en diferentes áreas con el objetivo de aumentar la productividad y competitividad de los mercados. Dentro de esta biotecnología genómica se encuentran los marcadores moleculares que son "fragmentos específicos de ADN con una ubicación conocida en el cromosoma". Se usan para marcar la posición de un gen en concreto o la herencia de una característica en particular. Los marcadores genéticos tienen diferentes aplicaciones potenciales como el establecimiento de paternidades; selección de individuos que tengan las características deseables como color de pelaje, presencia o ausencia de cuernos; para determinar si los progenitores son portadores de enfermedades genéticas o algún defecto. Los marcadores genéticos son especialmente útiles para los rasgos "difíciles de cuantificar y seleccionar". Ejemplos de estas características son: calidad de carne, eficiencia de crecimiento y desempeño reproductivo. Los marcadores de ADN para tales características permiten seleccionar lo que por otro camino es impracticable o impreciso, y por lo tanto relativamente inefectivo. El objetivo de este trabajo es describir el uso y aplicación de los marcadores moleculares en la productividad animal. Los QTL (Loci de caracteres cuantitativos), se utilizan para hacer búsquedas genómicas para una variedad de caracteres productivos en especies domésticas. Como ejemplo, en el ganado lechero, identificación de las regiones genómicas donde se encuentran los genes que inciden en la producción láctea y los componentes de la leche, así como también en genes que pudieran influir en la susceptibilidad o resistencia del animal a enfermedades mamarias, genes asociados a la calidad de la carne, ternera o suavidad. Caracteres tienen importancia económica, pero además son difíciles y costosos de medir como la ternera o suavidad de la carne. Los RFLP (Polimorfismo de Longitud de Fragmentos de Restricción), se utilizan en manejo de razas de animales para rastrear la progenie además de usarse para pruebas de paternidad, diversidad genética, huella genética y para el diagnóstico de enfermedades. Los minisatélites o VNTR (variaciones en el número de

repeticiones en tándem), se han utilizado para identificar linajes paternos en individuos y evaluar la diversidad genética en poblaciones de animales domésticos, de fauna silvestre y de gramíneas. Los AFLP (Polimorfismos de Longitud de Fragmentos Amplificados), se ha utilizado para estudios de ADN "fingerprinting", para clonar y mapear secuencias de ADN específicas y para hacer mapas genéticos. Los RAPD (Polimorfismos de ADN amplificados al azar), se han utilizado para estudio de ADN "fingerprinting", para relacionar especies cercanas, en mapeo genético, en genética de poblaciones, en genética evolutiva molecular, diversidad genética, huella genética y paternidad. Los Microsatélites o SSR (secuencias simples repetidas), se han utilizado en estudios de identificación de animales, evaluación de recursos genéticos, pruebas de paternidad, investigación de enfermedades, determinación de la variación genética dentro y entre razas, genética de poblaciones, migración mapeo de genes y genomas. Los SNP (Polimorfismos de un Solo Nucleótido), se han utilizado en el análisis de genes de herencia biparental y en el análisis de diferencias genéticas, para hacer mapas genéticos y para detectar variaciones genéticas dentro de especies. Los avances de la genética molecular, biotecnología y genómica tienen logros en las ganaderías ovinas, caprinas, bovinas, porcinas, etc., generando nuevos parámetros racionales (genes, marcadores y mapas genéticos). Algunos ejemplos de genes identificados como importantes son: caseína  $\kappa$ , lactoglobulina  $\beta$  y FMO3 asociados a producción de leche con mayor porcentaje de proteína; la leptina, RYR, RN/PRKAG3, AFABP/FABP4, CAST asociadas a la producción de carne con buen porcentaje de grasa en el músculo; PRP (scrapie en ovinos) y F18 (diarrea en cerdos) para enfermedades infecciosas; gen de miostatina (asociado a la manifestación de doble musculatura en ganado Charolais), locus Carwell (ovino) para carne; y el locus Booroola, ESR y PRLR para reproducción. Los genes de la calpaína C316 y calpastatina C4751 están asociados a la suavidad de la carne. Los marcadores moleculares ayudan a las herramientas de la inseminación artificial y la transferencia de embriones por medio de la selección de hembras y machos con cualidades genéticas con características deseables, obteniendo varias crías de la misma vaca y semental. Los marcadores moleculares y demás programas de mejoramiento animal ofrecen la posibilidad de aumentar la eficiencia, precisión y productividad del animal. Sin embargo, estas herramientas son escasas en la mayoría de los sistemas de producción y mejoramiento animal, debido a diversos factores tanto económicos, gubernamentales, etc.

**SIM 01-04****MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CEPAS DE HONGOS COMESTIBLES TROPICALES**

Cappello García S., Rodríguez Pérez C.

División Académica de Ciencias, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco

En la actualidad los hongos comestibles y medicinales han cobrado relevancia en la alimentación, la medicina y en el campo de la biotecnología, derivándose a partir de ello, la generación de productos funcionales para la salud, cosméticos, la comercialización de hongos frescos en supermercados o su ofrecimiento en platillos gourmet en el sector restaurantero y otros. Lo anterior se debe a su biología y sus propiedades nutritivas y medicinales que, dependiendo de las especies, llegan a superar los valores proteicos de la carne, huevos y pescados. Así como también su consumo, que favorece el al sistema inmunológico, con propiedades antibacterianas, antimicóticas, antivirales e hipocolesterolemias, entre otras. Todo lo anterior comprobado a través de una gran cantidad de estudios por especialistas en la materia. México presenta alrededor de 400 especies comestibles, de ellas, más de 100 tienen el potencial de ser cultivables, sin embargo, los esfuerzos intensivos en la producción de hongos en el país, se concentran en menos de 20 especies a escala comercial (en hongos como el champiñón, portobello, shiitake, setas y otros) y esta actividad se realiza principalmente en la zona centro de México, mientras que la zona tropical presenta retos en este ámbito, debido a diversos factores, entre ellos, las cualidades genéticas de las cepas. El objetivo de este trabajo es presentar los avances en investigación acerca del *Mejoramiento genético de cepas de hongos comestibles tropicales* que se realiza en Tabasco México. A través del aislamiento de cepas nativas y el entrecruce de neohaplontes de origen silvestre del germoplasma de hongos del género *Schizophyllum*, debido a que estos son consumidos por la población principalmente en zonas rurales o comunitarias. A la fecha se ha logrado establecer un protocolo de trabajo que permite manipular el germoplasma de dichos hongos para generar cepas monocarióticas y su entrecruce, logrando la generación de nuevas cepas dicarióticas. Se continúa trabajando en un programa de mejoramiento genético que permita contar con cepas adecuadas para producir cuerpos fructíferos con características deseables para la producción y con ello, apoyar proyectos productivos con miras a incrementar la disponibilidad de hongos cultivados en el sureste mexicano. Aunque existen antecedentes de trabajos previos de mejoramiento genético en hongos de los géneros *Pleurotus* y *Lentinula*,

este es el primer trabajo desarrollado en este ámbito en México para los hongos del género *Schizophyllum*.

**SIM 02**  
**Simposio: Genética molecular en**  
**el estudio de reservorios**  
**zoonóticos**

**SIMP 02-01****EL PAPEL DEL MVZ EN EL DIAGNÓSTICO Y CONTROL DE ENFERMEDADES TRANSMITIDAS POR VECTORES**

Beristain-Ruiz D.M.<sup>1</sup>, Vital-García C.<sup>1\*</sup>, Figueroa Millán J.V.<sup>2</sup>,  
Lira-Amaya J.J.<sup>2</sup>, Alvarado-Robles B.<sup>1</sup>, Alonso-Mendoza V.M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ciencias Veterinarias. Instituto de Ciencias Biomédicas. Universidad Autónoma de Cd. Juárez. Anillo envolvente del PRONAF y Estocolmo S/N. Zona PRONAF. CP32310. Cd. Juárez, Chihuahua, México. <sup>2</sup>CENID-Salud Animal e Inocuidad, INIFAP, Carretera Cuernavaca-Cuautla No. 8534, Jiutepec 62550, Morelos, México. [cuauhcihualt.vital@uacj.mx](mailto:cuauhcihualt.vital@uacj.mx)

Las enfermedades emergentes y reemergentes han existido desde el comienzo de las civilizaciones. Dentro de éstas, encontramos a las zoonosis, que refieren a todas aquellas enfermedades que los animales (domésticos o silvestres) pueden transmitir al hombre, ya sea de forma directa (consumo de alimentos de origen animal contaminados) o indirecta por medio de vectores. Durante décadas, dichas enfermedades representaron un reto diagnóstico tanto para médicos como para médicos veterinarios. Gracias al desarrollo de nuevas técnicas, ha sido posible identificar la presencia de los microorganismos patógenos que causan estas enfermedades. Dentro de este grupo de técnicas diagnósticas encontramos las pruebas moleculares como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR por sus siglas en inglés), la cual detecta al patógeno en el paciente, advirtiendo de esta manera la presencia de una infección activa. Gracias a este tipo de técnicas se ha logrado identificar la presencia de diferentes agentes patógenos circulando en los animales domésticos y/o silvestres. Esto también ha permitido conocer la prevalencia de diferentes zoonosis, así como de enfermedades que son propias del ganado o animales de compañía, ofreciendo a los médicos veterinarios un diagnóstico oportuno y certero. Los trabajos que se han realizado en el laboratorio incluyen animales de compañía como son el perro y el caballo, así como algunas especies de animales de producción. Se han identificado enfermedades zoonóticas como son la rickettsiosis, anaplasmosis granulocítica humana y la enfermedad de Lyme; además de aquellas que afectan de manera puntual a las distintas especies animales como son la erliquiosis monocítica y trombocitopenia cíclica, hepatozoonosis y hemoplasmosis canina, además de la piroplasmosis equina y bovina. También fue posible identificar la presencia de los agentes patógenos en sus vectores (garrapatas), los cuales fueron colectados directamente de los animales estudiados o del lugar en donde viven. Es importante destacar el demostrar coinfección de dos o más agentes patógenos en un solo paciente. Debido a la alta diversidad de patógenos y vectores

reportados, se pone de manifiesto la importancia de monitorear estas enfermedades; así mismo, al tratarse de enfermedades transmitidas por vectores, es necesario su control para prevenir brotes en animales o zoonosis.

**SIM 03**  
**Simposio: Mejoramiento genético  
en animales de interés comercial**

**SIM 03-01****IDENTIFICACIONES DE GENES Y MUTACIONES ASOCIADOS CON LA PROLIFICIDAD DE LA OVEJAS PELIBUEY DE PELO**

Zamora Bustillos R.<sup>1\*</sup>, Hernández Montiel W.<sup>2</sup>, Ramón Ugalde J.<sup>3</sup>

<sup>1,3</sup>Tecnológico Nacional de México/campus Conkal. Av. Tecnológico S/N, 97345, Yucatán, México. <sup>2</sup>Instituto de Agroingeniería, Universidad del Papaloapan, Av. Ferrocarril s/n, Ciudad Universitaria Campus Loma Bonita, Oaxaca 64400, Oaxaca, México. \*roberto.zb@conkal.tecnm.mx

La oveja pelibuey (*Ovis aries*), es una raza de importancia económica en México; presenta un tamaño de camada (prolificidad) en promedio de 1.5 corderos por parto y una tasa de ovulación (TO) en promedio de 1.3 a 1.8. Estas características lo hacen un modelo animal ideal para la búsqueda de mutaciones o genes asociados a la prolificidad. Se analizó el transcriptoma de ovejas de multíparas (M) y uníparas (U), se identificaron, 354 genes expresados diferencialmente (DEG): 120 genes regulados positivamente y 234 genes regulados negativamente en el grupo M con respecto al grupo U. A través de Gene Ontology (GO) y análisis metabólico, se obtuvo información sobre la función de genes expresados diferencialmente y su importancia en la reproducción de ovejas multíparas. Se reportan nuevos genes como ATP2A3, MMP9, CBL, SOCS3, FGF18, NR4A1, CHC4 y FST, con función en la reproducción. Este resultado sugiere que los genes identificados participan en el desarrollo de las etapas finales de los foliculogénesis. En otro estudio de asociación del genoma, usando el OvineSNP50 BeadChip, se identificaron un total de 57 marcadores SNP putativos, los genes candidatos que pueden estar asociados con el tamaño de camada en ovejas pelibuey son CLSTN2, MTMR2, DLG1, CGA, ABCG5, TRPM6 y HTR1E.

**SIM 03-02****SEMBLANZA DE LA GENÉTICA COMERCIAL EN MÉXICO**

Rivera Villatoro J.L.

Comité Sectorial Recursos Genéticos para la Alimentación y la  
Agricultura. \*mvzjlrivera@gmail.com

Las diferentes perspectivas de cómo se comercializa y se utiliza la Genética importada y Nacional en bovinos productores de leche y carne, tenemos un avance genético logrando resultados de producción de carne y leche, la Genómica, al Nutrición y las técnicas de reproducción de ha dado avances muy importantes. Las empresas provenientes de otros países venden comercializan la genética de su país a través de las pruebas que se realizan en cada país y cómo existen organismos que pueden homologar el sistema de pruebas de cada uno de los países generan estudios de pruebas de progenie, de comportamiento de fenotipos para cada uno de sus toros, podemos decir que cada país tiene un modelo específico y que este modelo compara con el promedio las características productivas son comparados con los promedios nacionales. Aquí es donde inicia la utilidad de la Genómica, porque podemos conocer el comportamiento para las características productivas y reproductivas, así como sus valores accesorios, como son Conteo de células Somáticas, eficiencia alimenticia, resistencia al pastoreo, vida útil, eficiencia en el metano, eficiencia en Inmunidad. Los becerros genómicos que todavía no han cumplido ni siquiera el año y ya tienen pruebas y resultados en donde oscilan alrededor de un 70% un gran avance. Expongo enfermedades que se generan por la mutación de los genes, y se habló de los Haplotipos ligados a la fertilidad de los bovinos. Así como los beneficios que la Genómica hace en la identificación de las enfermedades que afectan a los bovinos. En el Manejo Regenerativo y Holístico las tendencias de como trabajar la tierra, los bovinos en donde el bovino se selecciona para que por medio de la genómica para adapte a los diferentes climas.

**SIM 04**  
**Simposio: 2,4,8,16,32, ... ,**  
**40 aniversario de la PCR**

**SIM 04-01****DETERMINACIÓN DE LA CONCENTRACIÓN RELATIVA DE TRANSCRITOS MEDIANTE UNA VARIACIÓN DE PCR PUNTO FINAL**

Piedra Ibarra E.

Laboratorio de Fisiología Vegetal, UBIMED, FES Iztacala, UNAM.

El desarrollo del protocolo que amplifica fragmentos específicos de DNA junto con la posibilidad de retrotranscribir el pool de mensajeros celulares, abrió la posibilidad de comparar los niveles de ciertos transcritos en distintas células o en el mismo tipo celular, pero en condiciones contrastantes. Sin embargo, dada la naturaleza exponencial del proceso de amplificación, esa tarea implica dificultades que podrían conducir a interpretaciones equívocas. Aun así, se han diseñado estrategias que pretenden evadir las fuentes de error, estos protocolos semicuantitativos utilizan fundamentos similares a los usados en la RT-qPCR tiempo real dado que expresan los niveles de transcritos con relación a un control de expresión constitutiva y/o con condiciones control. En nuestro grupo de trabajo hemos utilizado esta variante de PCR punto final, para determinar los niveles de diversos transcritos cuando *D. melanogaster* es expuesta a diversos xenobióticos. En particular, resulta ilustrativo el esfuerzo para verificar los niveles de transcritos que codifican miembros de Citocromos P450 cuando son expuestas a un potente agente mutagénico (4-NQO). Para lo cual aproximadamente, 50 larvas de *D. melanogaster* fueron expuestas vía oral con 4-NQO 2 mM, acetona 2 %. El protocolo fue validado usando fenobarbital 1 mM y cafeína 7.7 mM, y un grupo control negativo (agua miliQ). El cDNA, obtenido por retrotranscripción con RNAt y oligo dT, fue usado para amplificaciones con oligonucleótidos específicos para 15 genes Cyp450s y para actina 42A (gen constitutivo), se normalizaron las condiciones de RT-PCR y se obtuvo la expresión relativa midiendo la densidad de pixeles. Con 4-NQO 2mM aumentaron significativamente la expresión relativa de 13 de los 15 Cyp450s estudiados mientras que con acetona 2 % el incremento también fue significativo para 12 Cyp450s.

**SIM 04-02****IDENTIFICACIÓN DE DELECCIONES EN EL GEN DMD MEDIANTE  
PCR MÚLTIPLE EN PACIENTES MEXICANOS CON DISTROFIA  
MUSCULAR DE DUCHENNE/BECKER**

Hernández-Zamora E., González-Huerta N.C.

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

La distrofia muscular de Duchenne (DMD) presenta una frecuencia de 1:3500 varones vivos, el gen está localizado en Xp21.2, con un tamaño de 2.5 Mb y 79 exones. La distrofia muscular tipo Becker (BMD) es una variante alélica y es menos frecuente. Las mutaciones más frecuentes son deleciones que se presentan en 50 a 65% de los casos, y se localizan en regiones específicas denominadas hot spots. El objetivo de este trabajo fue identificar deleciones en el gen DMDM mediante la amplificación de 17 exones y un promotor (Pm) en 17 pacientes con diagnóstico clínico de DMD/BMD, mediante PCR múltiple de Chamberlain y Beggs, que detecta 98% de las deleciones, nueve de las cuales se asocian al hot spot menor y 9 al mayor. Se encontró que 10 casos presentaron deleción, el 30% en el hot spot menor en los exones 8, 12 y 13 y 60% en el hot spot mayor en los exones 48 y 50, y 10 % en ambos. Los resultados moleculares en conjunto con los bioquímicos, electromiográficos y la historia familiar en cada uno de estos pacientes permiten realizar un diagnóstico específico, así como establecer criterios para la detección de portadoras con otras metodologías.

**SIM 04-03****MICROBIOTA BACTERIANA SANGUÍNEA DE LA TORTUGA TEXANA  
*Gopherus berlandieri* EN EL ESTADO DE TAMAULIPAS, MÉXICO**

Medrano-Zapata E.M.

Tecnológico Nacional de México-I. T. Ciudad Victoria-División de Estudios de Posgrado e Investigación. Boulevard Emilio Portes Gil No. 1301. Ciudad Victoria, Tamaulipas, México. C.P. 87010. medrano\_2503@hotmail.com

Una microbiota se define como una comunidad de microorganismos y sus genomas que habitan un medioambiente en particular. Actualmente, las secuencias de genes ARNr 16S han sido estudiadas proporcionando excelentes herramientas para el análisis de comunidades bacterianas a partir de cualquier tipo de muestra. Recientemente, las investigaciones de la microbiota bacteriana en animales de vida silvestre han sido de gran importancia, ya que permiten conocer el papel que juegan estos microorganismos en la salud de las poblaciones, analizando distintos tejidos como la sangre. La circulación sanguínea por mucho tiempo fue considerada un entorno estéril en organismos sanos. Sin embargo, se ha documentado la presencia de bacterias en la sangre de varios animales. Diversos patógenos han sido diagnosticados en tortugas, como es el caso de la micoplasmosis ocasionada por el agente *Mycoplasma agassizii*. El galápagos *Gopherus berlandieri* o tortuga del desierto fue descrito por primera vez en 1857. Se localiza generalmente en el sureste de Texas y en el noreste de México abarcando los estados de Coahuila, Nuevo León, San Luis Potosí y Tamaulipas. Para esto, en 2019 se procedió a la colecta de 9 especímenes en el estado de Tamaulipas, se utilizó la técnica de PCR punto final para amplificar el gen 16S y posteriormente someter los resultados a un análisis metagenómico a través del ARNr sanguíneo. Se extrajo la sangre de la vena yugular de cada individuo, llevándose en refrigeración al laboratorio para su posterior análisis bioinformático. Los resultados nos muestran 7 Phylum diferentes, 9 clases, 17 órdenes, 26 familias y 48 géneros bacterianos. Un hallazgo importante fue la presencia de *Anaplasma* en una de las muestras. Este estudio es de utilidad para el conocimiento de la microbiota sanguínea de un reptil ya que, hasta ahora, no hay información de la microbiota en sangre de esta familia de vertebrados.

**SIM 04-04*****Staphylococcus epidermidis*, UNA BACTERIA CON DOS ESTILOS DE VIDA: UTILIDAD DE LA PCR PARA IDENTIFICARLOS**

Ortega Peña S.

Laboratorio de Tejido Conjuntivo, Instituto Nacional Rehabilitación "Luis Guillermo Ibarra Ibarra", Ciudad de México

*S. epidermidis* es una bacteria comensal en la piel y mucosas de humanos y animales, la presencia de *S. epidermidis* en los sitios antes mencionados otorga efectos benéficos al huésped, por ejemplo; estimula y educa el sistema inmunológico, participa en la reparación de la piel y la mucosa; además, es esencial en el equilibrio de la microbiota cutánea y también previene que el huésped se colonice con microorganismos potencialmente patógenos. Sin embargo, bajo ciertas circunstancias *S. epidermidis* puede convertirse en un patógeno oportunista y ocasionar enfermedades infecciosas graves en humanos y animales. Por todo lo anterior, *S. epidermidis* es considerada a bacteria con dos estilos de vida comensal y patógeno oportunista. Uno de los problemas más frecuentes a los que se enfrentan el personal de la salud que trata infecciones es que no saben si iniciar tratamiento o no cuando se aísla *S. epidermidis* en cultivos de infecciones, ya que por muchos años *S. epidermidis* fue considerada una bacteria comensal y no patógena. A través de los años se han utilizado diferentes herramientas tecnológicas para identificar los dos estilos de vida de *S. epidermidis*, una de estas herramientas es la PCR punto final. Ortega y colaboradores (2019) analizaron *S. epidermidis* aislados de piel humana sana e infecciones articulares con PCR punto final para identificar marcadores genéticos asociados a proteínas de pared bacteria y utilizarse como biomarcadores que ayuden a identificar los dos estilos de vida de *S. epidermidis* y facilitar el diagnóstico clínico y microbiológico.

**SIM 05**  
**Simposio: Avances genéticos en**  
**la fitotecnia**

**SIM 05-01****CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE *Capsicum* spp.,  
SILVESTRES Y CULTIVADOS**

Ramírez García A.R.

Facultad Maya de Estudios Agropecuarios, UNACH

La conservación *in situ* es conocer y comprender los factores que influyen en la toma de decisiones de los campesinos para seguir conservando sus recursos genéticos. Sin embargo, para aprovechar la variabilidad que se pueda encontrar, es necesario hacer buenos trabajos de caracterización morfológica y geográfica, utilizando los mejores descriptores cuantitativos y cualitativos. El objetivo del trabajo fue determinar la diversidad morfológica de los chiles (*Capsicum* spp.) silvestres y cultivados en la Región Usumacinta del estado de Tabasco. En los recorridos se obtuvieron 48 colectas de chiles distribuidas en 13 morfotipos, encontradas en 12 localidades de seis municipios de la región. A cada uno se le realizó la caracterización morfológica *in situ* utilizando 26 variables de planta, flor y fruto con base en la guía de descriptores para *Capsicum* del IPGRI. Los datos se analizaron por medio de un Análisis de Componentes Principales. En los dos primeros componentes principales se reportó el 42.55 % de la variación total entre colectas. Esto explica en mayor proporción la variabilidad de fruto y planta. Por lo tanto, se puede afirmar que existe variabilidad morfológica en colectas de chiles cultivados y silvestres. Se encontró en mayor frecuencia el morfotipo cultivado tabaquero y silvestres el pico de paloma.

**DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Capsicum* spp.**

Gálvez-Muñoz Y.A.<sup>1</sup>, Castañón-Nájera G.<sup>1</sup>, Ramírez-Vera S.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>División Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, Villahermosa, Tabasco, <sup>2</sup>División Académica de Ciencias Agropecuarias, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco.

En la actualidad se han realizado estudios sobre la evolución y diversidad genética del género *Capsicum* spp. el objetivo del trabajo es identificar la variabilidad *in situ* de *Capsicum* spp, que se encuentran en estado silvestres y semisilvestre en diferentes lugares de Tabasco y norte de Chiapas. La caracterización es importante porque existe una gran variabilidad de formas cultivadas en el país, producto de una amplia gama de diversidad agroecológica, así como de diversas formas, colores, sabores y tamaños que constituyen una valiosa colección de genes y una valiosa contribución a la gastronomía. Se midieron los caracteres cualitativos color de la hoja, forma de la hoja, margen del cáliz, color del tallo, forma del tallo, habito de crecimiento de la planta, habito de ramificación, posición de la flor, color del fruto y forma de fruto. Las variables cuantitativas medidas fueron altura de planta, diámetro de tallo, número de flores por axila, longitud del fruto, ancho de fruto y número de semillas por fruto. Del primer análisis de componentes principales (ACP), se seleccionaron las nueve variables que resultaron significativas, con las cuales se realizó un segundo ACP, y un análisis de conglomerados (AC). Los primeros tres componentes principales del segundo (ACP) explicaron 58.27% de la variación total. El análisis de conglomerados (AC) ordenó las poblaciones de chile en grupos contrastantes; primero, las colectas se agruparon por especie, luego por localidad y finalmente por algunos caracteres que fueron comunes en los grupos.

SIM 05-03

**RECEPTORES *LRR-RLK* Y FACTORES DE TRANSCRIPCIÓN *WRKY*  
COMO HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA EL  
FITOMEJORAMIENTO DE LA RESISTENCIA CONTRA PATÓGENOS  
EN PLÁTANO**

García Laynes S.

Centro de Investigación Científica de Yucatán CICY

Las plantas son organismos sésiles que se defienden de microorganismos patógenos a través de sofisticados mecanismos moleculares que involucran a un amplio repertorio de moléculas altamente especializadas en el reconocimiento de patógenos y otras proteínas involucradas en el proceso de señalización para finalmente transcribir genes de defensa. Las proteínas RRLK son receptores transmembranales que reconocen patrones moleculares asociados a microbios (Por sus siglas en inglés, MAMPs) y que desencadenan un proceso de señalización que converge en la activación de factores de transcripción (FTs) tales como algunos miembros de la familia WRKY que regulan la transcripción de paquetes de genes de defensa para revertir la infección causada por bacterias, hongos o virus. En este sentido, en nuestro laboratorio trabajamos en la caracterización de genes con papeles protagónicos en la modulación de la respuesta del plátano contra microorganismos de origen fúngico como *Pseudosercospora fijiensis* y *Fusarium oxysporum* f. *sp. Cubense* RT4 causantes de la Sigatoka negra y Mal de Panamá respectivamente, enfermedades más importantes que amenazan la industria platanera. Nuestra investigación aportará genes candidatos que se implementaran en programas de fitomejoramiento de plátano cuyo fin es contribuir a la seguridad alimentaria y a la economía de nuestros agricultores que dependen de este cultivo.

**SIM 06**  
**Simposio: De los mapas  
genéticos a los mapas físicos  
a 110 años del primer mapa**

**SIM 06-01****DE LOS GENES LIGADOS A LOS MAPAS FÍSICOS: COMPARACIÓN DE LOS MAPAS DE LIGAMIENTO GENÉTICO CON LOS MAPAS FÍSICOS Y SUS APLICACIONES**

Márquez Becerra C.

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

En 1911, Morgan propone que existen genes ligados, ya que, en sus experimentos con cualidades de ojos, cuerpo y alas, registró una discordancia con el principio de la distribución independiente. Sturtevant (1913) determina el arreglo de seis genes ligados y propone el método para medir su distancia relativa a partir de las recombinaciones. Otro progreso destacado es la construcción de los primeros mapas citogenéticos, para lo cual se requiere ubicar la posición de los genes y su distancia en los cromosomas. Una contribución relevante es de Creighton y McClintock (1931), cuando demuestran la correlación genética y citogenética en maíz al estudiar la recombinación meiótica en el cromosoma 9. Después, Painter en 1933, publica el método de acetocarmin para los cromosomas politénicos de moscas e incluye un esquema del cromosoma X, que contiene bandas, genes, posiciones relativas y regiones de recombinación. Un desarrollo del mapa es logrado por Bridges (1935), al subdividir los cromosomas en bandas y asignarles un número; facilitando así la localización de los genes y los rearrreglos cromosómicos. Puesto que la mayoría de los eucariontes no poseen cromosomas politénicos, las técnicas alternativas son bandas Q y bandas G, y los procedimientos de cromosomas profásicos. Los mapas físicos, que están fundamentados en la secuenciación de los genomas, principian en eucariontes, con los genomas de *Saccharomyces cerevisiae* y *Caenorhabditis elegans*. Las distancias intergénicas, el tamaño de exones e intrones, y cada elemento del genoma, se miden en pares de bases. Un adelanto histórico es la presentación del genoma de *Drosophila melanogaster* y el genoma humano publicado en 2001, que continúan avanzando hasta la fecha. Las aplicaciones del conocimiento de los mapas son diversas: una es determinar la ruta evolutiva de los genes vinculados en bloques sinténicos y la elaboración de filogenias. Sin embargo, son pocas las especies cuyos genomas completos se conocen, y por esa razón, los mapas genéticos clásicos continúan aplicándose en el desarrollo de nuevas variedades de plantas y animales, coexistiendo con los mapas físicos.

**SIM 06-02****EL MAPA GENÉTICO DEL TOMATE *Solanum lycopersicum* Y SUS APLICACIONES**

Mascorro-Gallardo J.O.

Departamento de Fitotecnia e Instituto de Horticultura de la Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, Edo. de México. jomg2013@gmail.com

Los mapas genéticos de organismos experimentales y del tomate comenzaron a construirse desde principios del siglo XX utilizando la metodología desarrollada por T.H. Morgan y sus discípulos. Se pueden identificar tres etapas en el desarrollo de los mapas genéticos y físicos: En la primera etapa que abarcó hasta los años 80s, se lograron mapear unas cuantas decenas de genes en alguno de los 12 cromosomas del tomate. El mapeo genético dependía de contar con alelos mutantes que pudieran emplearse en el análisis genético. En los años 80s, se comienzan a emplear los marcadores moleculares (RFLPs, RAPDs, AFLPs, microsatélites, etc.), lo cual permite obtener mapas genéticos y físicos de mayor densidad. Este avance y otros en la biología molecular, hicieron posible dos logros importantes: 1) comenzar a identificar y analizar loci asociados a caracteres poligénicos (Quantitative Trait Loci, QTLs) y 2) iniciar la clonación de genes asociados a fenotipos de interés mediante paseo cromosómico, una técnica asociada a la genética directa (ir del fenotipo al ADN o al gen) (doi:10.1016/j.tplants.2011.02.006). En 1993, se logró clonar el primer gen que se identificó en plantas mediante esta estrategia, el gen *Pto*, de resistencia a *Pseudomonas syringae* pv. tomato, causante de la mancha bacteriana (Science 1993, DOI: 10.1126/science.7902614). Una tercera etapa inicia cuando se publica el genoma completo del tomate (Nature, 2012. DOI:10.1038/nature11119), y con ello se obtiene una precisa relación del mapa genético con el mapa físico. Con este logro, se hace factible explotar metodologías como los GWAS (Genome Wide Association Studies) para identificar los genes relacionados con los caracteres cuantitativos (Pl. Physiol, doi/10.1104/pp.114.241521). Contar con el genoma completo también ha permitido acelerar los análisis en genética reversa (del ADN al fenotipo), lo cual ha facultado el desarrollar herramientas para volver más eficiente el mejoramiento genético mediante el uso de marcadores moleculares, facilitar la aplicación de herramientas genómicas como los análisis transcriptómicos mediante micro arreglos o RNAseq (<https://doi.org/10.1038/s41598-020-72474-w>), llevar a cabo la edición genética para modificar las variedades mejoradas de manera más precisa, e incluso hacer biología sintética para acelerar la domesticación de especies silvestres de *Solanum* (doi/10.3389/fpls.2023.1121209).

**SIM 06-03****MEJORAMIENTO DE TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)  
AUXILIADO POR SU MAPA GENÉTICO**

Rodríguez Pérez J.E.

Departamento de Fitotecnia, Instituto de Horticultura, Universidad Autónoma  
Chapingo. Chapingo, México. erodriguezx@yahoo.com.mx

La comercialización de semillas de tomate es un negocio multimillonario que expresa gran dinamismo en la generación de nuevas variedades, debido a que se enfrenta a diversos factores adversos tanto bióticos como abióticos. En las variedades mejoradas se exige tolerancia a las principales enfermedades que enfrenta el cultivo, caracteres de calidad de fruto que garanticen su comercialización y fenotipos adecuados para su manejo agronómico. La aplicación de herramientas novedosas, especialmente biotecnológicas, son clave para el mejoramiento genético actual, especialmente el mapa genético y la secuenciación completa del genoma. Herramientas aplicadas en la selección basadas en estos conocimientos son los marcadores moleculares para tolerancia a enfermedades, cuya aplicación cotidiana ya es una realidad. En el caso de caracteres cuantitativos complejos, el progreso ha sido más lento; por ejemplo, la aplicación de Qtls aún tiene limitantes debidas a la interacción genotipo ambiente. Técnicas como GBS junto con la caracterización fenotípica eficiente y precisa, y el manejo y análisis de grandes bases de datos han generado los procedimientos GWAS que persiguen identificar regiones genómicas asociadas a caracteres herencia cuantitativa. En el Programa de Mejoramiento Genético de Tomate la Universidad Autónoma Chapingo se han aprovechado estos conocimientos mediante la identificación de genes mayores de tolerancia a Virus del Mosaico del Tomate, *Fusarium oxysporum*, nematodos, *Verticilium dahliae* y algunos caracteres de calidad de fruto como síntesis de antocianinas y larga vida de anaquel. Mediante estudios GBS de 95 líneas homocigóticas se identificaron 14,328 SNPs útiles, con los que se realizaron análisis GWAS para detectar asociaciones con regiones genómicas con la tolerancia *Pythium* spp, *Rhizoctonia solani* y a sales. En el caso de *Pythium* se identificaron 70 SNPs asociados al vigor de plántula ante el patógeno, 18 SNPs están asociados a genes descritos en el genoma de referencia y se identificaron tres regiones altamente asociadas con la tolerancia a *Pythium* spp. En sales 54 SNPs fueron significativos, asociados a seis caracteres de vigor de plántula en condiciones salinas; de estos, 18 se asociaron a genes descritos en el genoma de referencia. En *Rhizoctonia solani*, los SNPs detectados no se asociaron con genes reconocidos actualmente.

**SIM 07**  
**Simposio: Enfermedades de**  
**edición limitada**

**SIM 07-01****DETECCIÓN DE LA DUPLICACIÓN GÉNICA DE PMP22 Y  
DIAGNÓSTICO INTEGRAL DE LA ENFERMEDAD DE CHARCOT-  
MARIE-TOOTH 1A**

Hernández-Zamora E.

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

La neuropatía periférica de Charcot-Marie-Tooth (CMT) es la enfermedad hereditaria más común del sistema nervioso periférico humano. El subtipo más frecuente, CMT1A, es asociado a una duplicación de un fragmento de ~1.5 Mb en 17p11.2-p12, que incluye al gen PMP22. El objetivo es describir diferentes estrategias para el diagnóstico clínico y molecular de CMT1A en pacientes del Instituto Nacional de Rehabilitación (INR). A los 17 pacientes estudiados que reunieron los criterios para CMT1, clínicos y electrofisiológicos. Se les realizó el estudio molecular mediante electroforesis capilar (EC) para detectar la duplicación del gen PMP22. Los estudios clínico, bioquímico y electrofisiológico ofrecieron los criterios para establecer el diagnóstico de CMT1. Con la EC se detectó la duplicación del gen PMP22 en siete pacientes que fueron diagnosticados clínica y electrofisiológicamente como CMT1, pudiéndose llegar al diagnóstico de CMT1A. Todas las duplicaciones detectadas fueron corroboradas mediante FISH. Conclusión. Nuestros resultados nos permiten asegurar que la EC es un método fácil y confiable para detectar la duplicación del gen PMP22. Además, el aplicar diferentes estrategias tanto clínicas, electrofisiológicas y moleculares en este tipo de pacientes, nos permitieron establecer el diagnóstico correcto y ofrecer asesoramiento genético adecuado.

**SIM 07-02****FACTORES ETIOLÓGICOS RECURRENTES EN LA ENFERMEDAD DE LEGG-CALVE-PERTHES**

Rodríguez Olivás A.O., Hernández Zamora E., Casas Ávila L.,  
Reyes Maldonado E.

Medicina Genómica, Instituto Nacional de Rehabilitación

Las enfermedades raras (ER) o enfermedades huérfanas son un grupo de condiciones que afectan a una porción pequeña, pero considerable, de la población mundial. Se presentan con una incidencia baja y muchas de ellas son de etiología desconocida, lo cual limita su estudio y tratamiento. La enfermedad de Legg-Calve-Perthes (ELCP) es una ER, de etiología desconocida, se reporta una incidencia a nivel mundial de 0.2 a 19.9 casos por 100,000 en diferentes naciones, por desgracia en países latinoamericanos no existen reportes de incidencia de esta enfermedad. Se ha descrito como una necrosis avascular uni o bilateral de la cabeza femoral, la cual limita el rango de movimiento de la cadera. la etiología de la ELCP sigue sin entenderse del todo, diversos estudios han sugerido diferentes agentes etiológicos, entre ellos la susceptibilidad genética tendría un papel central en el desarrollo de la enfermedad. Por lo anterior el objetivo de este grupo es estudiar múltiples variantes genéticas propuestas sobre la etiología de ELCP. Los polimorfismos y mutaciones estudiados fueron elegidos por estar relacionados a diferentes vías patológicas, como, alteraciones hemostáticas, inflamación, avascularidad y metabolismo del hueso.

## ICTIOSIS RECESIVA LIGADA AL CROMOSOMA X EN MÉXICO

González Huerta L.M.

Hospital General de México "Dr. Eduardo Liceaga"

La ictiosis recesiva ligada al cromosoma X (XLI) es un error del metabolismo de origen genético y en la mayoría de los casos hereditario. La ILX es el resultado de la deficiencia de la enzima esteroide sulfatasa (SE). Dicha deficiencia enzimática se manifiesta fenotípicamente con la presencia de escamas en piel de color oscuras, adhesivas de forma regulares, presentes en pabellones auriculares, abdomen y extremidades superiores e inferiores del cuerpo. La SE presenta una distribución ubicua capaz de hidrolizar sulfatos de esteroides, el gen STS es el encargado de dar origen a la proteína madura de SE, el cual se extiende por más de 160 kb, ubicado en Xp22.3, cerca de la región pseudoautosómica. La mayoría de los pacientes con XLI presentan grandes deleciones del gen STS y de las secuencias flanqueantes, un bajo porcentaje presenta mutaciones puntuales *de novo*. Se ha sugerido que el patrón de deleciones observado en pacientes XLI se debe a la presencia de un número de copias que se repite generando recombinación homóloga desigual. Bases de reportes genéticos internacionales en varias áreas geográficas indican que no existen diferencias raciales o étnicas en el patrón de deleción del gen STS en pacientes XLI. A la fecha no hay estudios sobre el alcance de la deleción del gen STS y los marcadores flanqueantes en pacientes mexicanos con XLI. Cabe mencionar que hasta el 2018 el Hospital General de México "Dr. Eduardo Liceaga", era la Institución de concentración nacional e internacional para la identificación y diagnóstico clínico, bioquímico, molecular y citomolecuar de pacientes y portadoras de ILX, a cargo del grupo de investigación integrado por el Dr. Sergio Cuevas y la Dra. Luz Ma. González adscritos al servicio de Genética, sin embargo por cambios de jefaturas a la fecha en México no existe Institución pública que lleve a cabo el diagnóstico integral de ILX, lo cual afecta directamente a los pacientes con dicho padecimiento.

SIM 07-04

**NUEVA VARIANTE HETEROCIGOTA COMPUESTA EN *CYP27B1*  
PRESENTE EN RAQUITISMO TIPO 1A DEPENDIENTE DE  
VITAMINA D**

Toral López J.

Servicio de Genética Médica, Coordinador de Investigación en Salud, Centro Médico  
Ecatepec, ISSEMYM

El raquitismo dependiente de vitamina D tipo 1A (VDDR1A) es un raro trastorno autosómico recesivo, causado por variantes patogénicas en el gen *CYP27B1*, caracterizado típicamente por retraso del crecimiento, raquitismo, piernas arqueadas, fracturas, convulsiones, hiperparatiroidismo, hipocalcemia, fosfatasa alcalina elevada, nivel normal o elevado de 25(OH)D3 y 1,25(OH)2D3 bajo. Estudiamos a dos hermanos de una familia con una forma atípica de VDDR1A. El probando se sometió a la secuenciación de próxima generación y se realizó la secuenciación de Sanger en su hermano, los padres y 100 controles sanos para la validación de la variante detectada. Aquí, identificamos en dos hermanos una variante recurrente c.1319\_1325dupCCCACCC y una nueva variante sin sentido c.227G>A en estado heterocigoto compuesto en el gen *CYP27B1*. Además de las características típicas de VDDR1A, el probando presentó manchas cafés con leche, dientes pequeños y esclerótica grisácea, con hipofosfatemia, normocalcemia y 25(OH)D3 normal, el hermano del probando presentó esclerótica grisácea. El tratamiento con calcitriol tuvo mejor respuesta en el hermano menor del probando. En este estudio escribimos la primera familia mexicana con VDDR1A. Esta nueva variante sin sentido está asociada con una forma atípica de VDDR1A, los resultados contribuyen al espectro fenotípico y aumentan el conjunto de variantes patogénicas en *CYP27B1*. Los datos sugieren que las variantes truncadas desempeñan un papel importante en la gravedad de VDDR1A. Cuando un paciente presenta inicialmente hipofosfatemia, normocalcemia y raquitismo aparentemente no deficiente en 25(OH)D3, se debe investigar el *CYP27B1* como posible diagnóstico y recomendar la consulta genética.

**SIM 08**  
**Simposio: Enfermedades  
tropicales desatendidas**

SIM 08-01

**ANÁLISIS PROTEÓMICO DE *Plasmodium berghei* EN FASE ANULAR DURANTE EL TRATAMIENTO ANTIPARASITARIO *in vivo* CON Kramecyna**

Eligio García L.<sup>1</sup>, Franco Sandoval L.O.<sup>1</sup>, Jiménez Cardoso E.<sup>1</sup>, Rodríguez Páez L.I.<sup>2</sup>, Cano Sánchez J.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Hospital Infantil de México Federico Gómez. <sup>2</sup>ENCB-Instituto Politécnico Nacional.

La malaria es una enfermedad parasitaria de importancia mundial debido al alto número de muertes anuales. La investigación de esta parasitosis enfrenta graves problemas, derivados de la evolución del parásito y los vectores, la aparición de resistencia a insecticidas, el avance en la colonización de los vectores por motivo del cambio climático y las poblaciones de parásitos resistentes a los medicamentos existentes, lo que lleva en consecuencia a que la búsqueda de nuevos compuestos antimaláricos. Varios productos herbolarios desarrollados para el control de la malaria han tenido un profundo impacto, por ejemplo, la quinina obtenida de la corteza del árbol de la quina y recientemente los derivados de la artemisinina. En este trabajo se determinó el efecto antipalúdico de un compuesto llamado kramecina extraído de la planta "chayotillo" (*Krameria cystisoides*), se propuso un mecanismo de acción basado en la identificación de proteínas expresadas en la fase de anillos de *Plasmodium berghei*. Se conoce que este compuesto tiene actividad antiparasitaria contra algunos protozoos hemáticos e intestinales (*Giardia duodenalis* y *Trypanosoma cruzi*). Al medir la parasitemia a diferentes tiempos, se observó que en ratones tratados con kramecina, se alcanzó sólo el 14 % de parasitemia a los 7 días con una dosis de 15 mg/kg, utilizando cloroquina como fármaco control. Kramecina disminuye la expresión de proteínas del parásito que participan en procesos biológicos, como la invasión, citoadherencia, patogenicidad y el metabolismo energético en la fase de anillo. Se propuso el mecanismo de acción de este compuesto, al compararlo con la artemisinina, ya que ambos tienen un farmacóforo en común, además de la similitud estructural que existe entre estos compuestos. Con estos resultados, se propone que este compuesto tiene repercusiones en el metabolismo del parásito y podría ser útil para su uso como antimalárico

SIM 08-02

## ESTUDIO GENOTÓXICO DE NUEVOS FÁRMACOS TRIPANOCIDAS DERIVADOS DE QUINAZOLINA

Santos-Cruz L.F.\*<sup>1</sup>, Dueñas-García I.E., Castañeda-Partida L.<sup>1</sup>,  
Durán-Díaz Á.<sup>1</sup>, Piedra Ibarra E.<sup>1</sup>, Mendoza-Martínez C.<sup>2</sup>,  
Hernández-Luis F.<sup>2</sup>, Heres y Pulido M.E.I.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Estudios Superiores Iztacala-UNAM. Av. De los Barrios #1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Estado de México, México. <sup>2</sup>Departamento de Farmacia, Facultad de Química-UNAM. Av. Universidad 3000, Ciudad de México, México.

\*luisfelipesantoscruz@iztacala.unam.mx

La enfermedad de Chagas es una enfermedad endémica en América Latina, especialmente en regiones tropicales, y presenta dos fases: una aguda asintomática y otra crónica con graves complicaciones cardíacas y gastrointestinales (mega síndromes) que terminan en muerte súbita por colapso visceral. En 2010, la Organización Mundial de la Salud informó que aproximadamente 10 millones de personas estaban infectadas con la enfermedad de Chagas y más de 25 millones en zonas endémicas estaban en riesgo de adquirirla. En 2005 la OMS declaró la enfermedad de Chagas como una enfermedad tropical desatendida lo que generó mayor investigación y mejores opciones de tratamiento. Durante años se han buscado mejores tratamientos; Sin embargo, la mayoría han mostrado ser ineficaces durante la fase crónica de la enfermedad, además de generar importantes efectos secundarios y mostrar efectos tóxicos y genotóxicos en varios ensayos. La terapia de Chagas se ha centrado en la inhibición específica de la enzima dihidrofolato reductasa-timidilato sintasa bifuncional (DHFR-PTR) de *Trypanosoma cruzi* implicada en la biosíntesis de purinas y algunos aminoácidos. El grupo de investigación del Dr. Hernández-Luis de la Facultad de Química de la UNAM sintetizó cuatro nuevas moléculas que eliminan todas las etapas de desarrollo de *T. cruzi*, derivadas de la 2,4,6-triaminquinazolina (TAQ). Se realizaron pruebas *in silico* de la eficacia de la selectividad de la molécula para inhibir la enzima DHFR-PTR, pruebas *in vitro* del efecto tripanocida de los compuestos y pruebas de genotoxicidad en la prueba de Mutación y Recombinación Somáticas (SMART) en ala de *Drosophila melanogaster*. Los resultados indicaron que la presencia de un grupo trifluorometoxi en el derivado nombrado GHPMF, aumenta la selectividad de interacción con la DHFR de la Región 1 de *T. cruzi* con actividad timidilato sintetasa-dihidrofolato reductasa. Esta selectividad se vio reflejado en un efecto tripanocida a 9  $\mu\text{M}$  en *T. cruzi*, y no mostró efectos genotóxicos en la prueba SMART en ala de *D. melanogaster*. Proponemos que este compuesto es un buen candidato para ser probado en otros ensayos de

genotoxicidad *in vivo* e *in vitro*, para finalmente ser ensayado en protocolos clínicos.

**SIM 08-03****LA NECESIDAD DE UN ENFOQUE INTEGRAL (UNA SALUD) PARA  
LA VIGILANCIA Y CONTROL DE LA TRIPANOSOMIASIS  
AMERICANA EN EL SURESTE DE MÉXICO**

Velázquez Ramírez D.D., Ochoa Díaz-López H.

Grupo de enfermedades Emergentes y Epidémicas. Departamento de Salud El Colegio de La Frontera Sur, San Cristóbal de Las Casas, Chiapas

La tripanosomiasis americana (TA) o enfermedad de Chagas, es una zoonosis de importancia para la salud pública causada por el parásito protozoario vectorial *Trypanosoma cruzi*. La epidemiología de la TA implica complejas interacciones entre diversas especies de triatomíneos vectores y mamíferos hospedadores, incluidos los seres humanos. Los esfuerzos por controlar la TA se ven comprometidos por la falta de conocimientos sobre su epidemiología y ecología. Tras su reconocimiento como problema nacional de salud pública a mediados del siglo pasado, la transmisión de la TA sigue siendo una carga para sectores vulnerables de la población en varias partes de México. La aplicación del enfoque de Una Salud a los esfuerzos colaborativos y transdisciplinarios para lograr resultados de salud óptimos entre las personas, los animales y su entorno compartido, presenta la oportunidad de avanzar en los esfuerzos de investigación para mejorar la vigilancia y el control de la TA. Se presentan los avances de investigación para entender la epidemiología del TA en los estados sureños mexicanos de Chiapas y Oaxaca. Se destaca la necesidad de caracterizar la dinámica de los ciclos silvático y peridoméstico entre focos de transmisión ecológicamente diversos en los neotrópicos. Esta información se discute en el contexto del conocimiento actual para la vigilancia del TA en las Américas. Los conocimientos derivados de la investigación sobre Una Salud pueden traducirse en intervenciones eficaces para prevenir e interrumpir la transmisión de *T. cruzi* por triatomíneos vectores, y así reducir la carga de salud pública debido a TA en México.

**SIM 09**  
**Simposio: Los distintos rostros de  
la Genética Humana**

**SIM 09-01****ALTERACIONES CROMOSÓMICAS FRECUENTES EN LA POBLACIÓN PEDIÁTRICA CON LEUCEMIA AGUDA LINFOBLÁSTICA DEL HOSPITAL DE ESPECIALIDADES PEDIÁTRICAS**

Ivette López M.

Dirección de Enseñanza, Planeación e Investigación del Centro Regional de Alta Especialidad de Chiapas

La leucemia aguda linfoblástica es el cáncer infantil más frecuente en la República Mexicana. Mientras que a nivel mundial la supervivencia es de 90% a 5 años, en México el promedio nacional de supervivencia es de 60% a 5 años. Entre los factores asociados a la mala sobrevivencia en el país tenemos el abandono del tratamiento, madres menores de 18 años y factores de mal pronóstico al momento de la presentación. Además, se encuentran los factores genéticos. En el Hospital de Especialidades Pediátricas se realizó la investigación de los alelos del gen *ARID5B* relacionados con mayor riesgo de padecer leucemia aguda linfoblástica en población mexicana. Se encontró que las variantes rs108rs10821936, rs10994982, rs7089424 del gen *ARID5B* se asociaron con el desarrollo de leucemia aguda linfoblástica ( $p < 0.00001$ ). Además, en otro estudio realizado por Lepe y colaboradores, se encontró que la supervivencia en Chiapas era del 35% a 3 años y que las causas eran por neutropenia febril sin foco aparente, además de recaídas tempranas. Entre las alteraciones cromosómicas las más frecuentes fueron las estructurales y numéricas

**SIM 09-02****ESPECTRO GENÉTICO EN LA POBLACIÓN ADULTA CON CÁNCER EN CIUDAD SALUD**

Zúñiga Rodríguez F.G.

Genética Médica, Genodermatología y Neurogenética. Hospital Regional de Alta Especialidad Ciudad Salud

El Centro Regional de Alta Especialidad de Chiapas (CRAE) forma parte de los Hospitales Regionales de Alta Especialidad, fue creado en el 2006 y consta de los Hospitales de Especialidades Pediátricas de Tuxtla Gutiérrez y el Hospital Regional de Alta Especialidad Ciudad Salud (HRAECS), en este último donde atienden las patologías de alta complejidad de la población adulta del Estado de Chiapas y algunos estados vecinos, siendo la patología Cardiovascular isquémica, enfermedad cerebral vascular isquémica y hemorrágica, así como distintos tipos de cáncer tales como: mama, ovario, colorrectal, próstata, estómago, tiroides son las principales causas de atención. El servicio de Genética Médica se apertura el 1 de mayo del 2011, en un inicio las principales patologías que se atendían correspondían a cardiopatías congénitas, enfermedades neurodegenerativas, sin embargo el cáncer de mama, colorrectal y ovario se han convertido en la primera causa de consulta, por lo que dentro del abordaje requiere de la realización de estudios moleculares para el diagnóstico, terapia y asesoramiento genético, por lo que en conjunto con el Servicio de Investigación del HRAECS se adquirió un equipo de secuenciación de nueva generación para realizar el análisis molecular de la población con cáncer no derechohabiente del estado de Chiapas. Todos los pacientes con diagnósticos de cáncer de mama, ovario, colorrectal son referidos al servicio de Genética Médica donde se realiza abordaje integral, se estratifica el riesgo acorde a las guías de atención, se analizan si hay patologías concomitantes, se brinda asesoramiento genético preprueba y posprueba. El estudio molecular se realiza en sangre periférica a partir de leucocitos, extracción de ADN por kit comercial para su posterior secuenciación de nueva generación iSeq de Illumina y posteriormente clasificación de las variantes encontradas. En las pacientes con cáncer de mama el 90% corresponden a casos de menores de 50 años, el 60% corresponden a formas esporádicas, acuden en un 70% con un estadio clínico III en adelante, el 90% es la única patología que presentan y en un 10% presentan alguna otra enfermedad autoinmunes (Lupus, Artritis, Psoriasis), malformaciones congénitas, el análisis molecular en su mayoría corresponden a variantes patogénicas en *BRCA2*, *BRCA1* y en menor cantidad en genes como *CDH1*, *BRIP1*, *PALB2* y *TP53*, logrando identificar síndromes de cáncer de mama-ovario, Li-Fraumeni, entre otros. En los pacientes con cáncer colorrectal el rango de edad comprende desde 18 hasta 73 años, el 98% corresponden a formas no polipósicas que cumplen criterios para Síndrome de Lynch, en su mayoría corresponden a variantes patogénicas en *MLH1*, donde además se han identificado pacientes con otros tumores dentro del espectro del síndrome, tales como: ovario, mama, endometrio y próstata. En el 2% de los tumores

corresponde a formas polipósicas como el Síndrome de Gardner y Peutz-Jeghers, por variantes patogénicas en los genes APC y *PRKAR1A*. El abordaje y manejo interdisciplinario, en conjunto con las herramientas moleculares permiten una atención más eficiente y personalizada, detección de familiares en riesgo de las y los pacientes con cáncer de población no derechohabiente del Estado de Chiapas.

**SIM 09-03****TRASTORNOS DEL ESPECTRO AUTISTA: DESDE EL ABORDAJE CLÍNICO AL GENÉTICO**

Nafate López O.

Hospital de Especialidades Pediátricas, CRAE Ciudad Salud en Tapachula, Chiapas

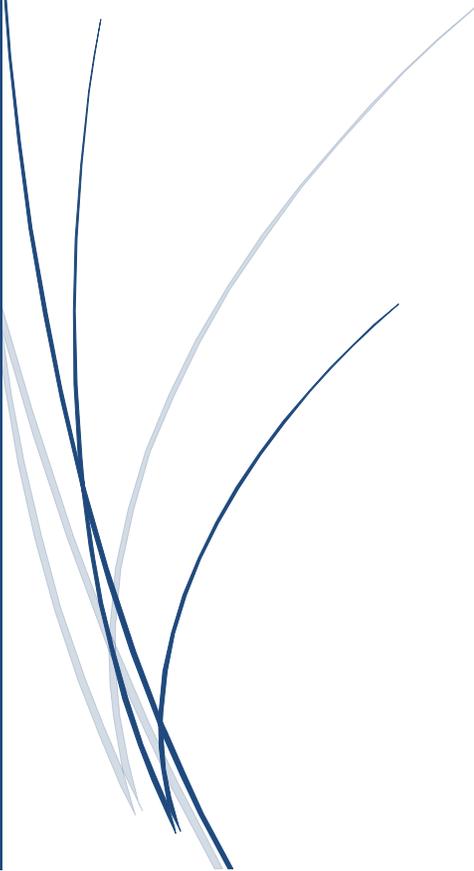
El psiquiatra austríaco Leo Kanner sentó las bases del estudio del autismo en el año 1943, cuando realizó una descripción detallada de 11 niños señalando las particularidades del síndrome. En la actualidad, a través del término "autismo" usualmente se hace referencia a un grupo de desórdenes denominados Trastornos del Espectro Autista (TEA), que según el Manual Estadístico de Diagnóstico (DSM-5) se encuentran catalogados dentro de los Trastornos del Neurodesarrollo. El Trastorno del Espectro Autista (TEA) es referido por el Manual Diagnóstico y Estadístico de los Trastornos Mentales en su Quinta Edición (DSM-5) como un grupo de trastornos del neurodesarrollo caracterizados por dificultades para establecer comunicación, interacción social y patrones repetitivos de comportamiento, actividades o intereses que ayudan en su clasificación en diferentes niveles de severidad con una prevalencia global de 1:160 nacidos vivos<sup>1</sup>. La relación entre el género masculino y femenino en promedio se ha reportado como 4:1. Es denominado espectro porque va desde discapacidad intelectual severa hasta inteligencia altamente desarrollada. Los síntomas comienzan a manifestarse a edades muy tempranas, limitando el funcionamiento del niño. Se ha reportado un solo estudio en México con datos epidemiológicos sobre este trastorno, con prevalencia de 1:116 individuos en la ciudad de León, Guanajuato<sup>2</sup>. Las investigaciones en familias y gemelos han aportado datos que respaldan la hipótesis de la participación de genes en el origen de la enfermedad, mostrando en gemelos monocigóticos una concordancia de entre 37 y 90%, y en dicigóticos entre 3 y 6%. La heredabilidad estimada es del 90%, la más alta conocida para enfermedades complejas, lo que nos dice la importancia de la etiopatogenia genética de estos trastornos. En años recientes, el incremento mundial de autismo y el número de publicaciones científicas (más de 50 mil hasta enero de 2020) muestran la importancia e interés en los TEA. Desafortunadamente, la mayoría de las investigaciones han sido realizadas en poblaciones caucásicas y asiáticas, donde los mexicanos e incluso latinos no fueron incluidos. Dichos trabajos han mostrado una gran variedad de asociaciones genéticas, pero no suficientemente fuertes para llegar a un consenso acerca del origen, además de la variabilidad en la ancestría y que se trata de una enfermedad compleja. Como se mencionó anteriormente, la mayoría de

las variantes identificadas son *de novo*, por lo que hacer estudios en población mexicana es de suma importancia. Con la tecnología actual es posible analizar cientos y miles de sitios en el genoma en periodos cortos de tiempo, como los microarreglos, la secuenciación y la genotipificación masiva, arrojan información muy valiosa contribuyendo al conocimiento de la etiología de las enfermedades complejas.

A thick dark blue vertical bar on the left side of the page. A blue arrow-shaped graphic points to the right from the bar, containing the text 'CNG 2023'.

CNG 2023

# Trabajos Libres

Abstract decorative lines in shades of blue and grey, starting from the bottom left and curving upwards and to the right.

Rev. Int. Contam. Ambie. 39

DOI: <https://doi.org/10.20937/RICA.2023.39.SMGM>

## **ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN DE LAS ISOFORMAS DE LA DISTROFINA Dp71, DURANTE EL DESARROLLO DEL CEREBRO DE RATÓN**

González-Reyes M.<sup>1,2</sup>, Aragón J.<sup>1,3</sup>, Romo-Yañez J.<sup>1,3</sup>, Sánchez-Trujillo A.<sup>1</sup>, Rendón A.<sup>3</sup>, Vaillend C.<sup>2\*</sup>, Montañez C.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Genética y Biología Molecular, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (CINVESTAV), CDMX, México. <sup>2</sup>Université Paris-Saclay, CNRS, Institut des Neurosciences Paris Saclay, 91400, France. <sup>3</sup>Institut de la Vision/INSERM/UPMC, Université Paris 06/CNRS/CHNO des Quinze-Vingts, Paris, France.

La distrofina Dp71 es el producto principal del gen DMD que se expresa en el SNC. El RNAm de Dp71 sufre distintos procesamientos alternativos en los exones 71, 71-74 y 78, por lo que existen varias isoformas de esta proteína: Dp71d, Dp71d<sub>Δ71</sub>, Dp71d<sub>Δ71-74</sub>, Dp71d<sub>Δ71,74</sub>, Dp71d<sub>Δ74</sub>, Dp71f, Dp71f<sub>Δ71</sub>, Dp71f<sub>Δ71-74</sub>, Dp71d<sub>Δ71,74</sub>, Dp71f<sub>Δ74</sub>, Dp71e<sub>Δ71</sub> y Dp71e<sub>Δ71-74</sub>. Dichas isoformas tienen un patrón de expresión diferente en tejido y estadio de desarrollo en el que se encuentran. El objetivo fue contribuir a la caracterización de la expresión de las isoformas de Dp71 en cerebro (adulto) y sus regiones: hipocampo, corteza y cerebelo, durante el desarrollo del ratón. Se analizó la expresión de los RNAm de la Dp71 y se determinó la frecuencia de expresión de cada una de las isoformas en dichos tejidos y en diferentes estadios pre y postnatales. El RNA aislado de cerebro de ratones adultos, cerebro de embriones (E10, E15) e hipocampo, corteza y cerebelo postnatales (1, 7, 14, 21, 60 días) de la cepa C57BL/6 se retrotranscribió. Los productos de PCR obtenidos se clonaron en el vector de tránsito pGEM-T-Easy y se transformaron bacterias *E. coli* DH5α. Las colonias transformadas se analizaron por PCR múltiple para determinar la presencia/ausencia de los exones 71-74 y 78. Las isoformas de Dp71 identificadas fueron secuenciadas y se determinó su frecuencia de expresión. El análisis de expresión a nivel de RNAm de Dp71 reveló que en cerebro de embriones la frecuencia relativa de las isoformas del grupo Dp71f es la más elevada, mientras que, en el cerebro adulto, en hipocampo, corteza y cerebelo (excepto P14) se observa una expresión elevada para las Dp71d. Las isoformas de Dp71 presentan una expresión diferencial al comparar estadios de cerebro, adulto y embrionario (E10 y E15), por lo que puede concluirse que la expresión de las isoformas Dp71 son estadio específicas. Los resultados muestran diferencias entre los estadios embrionarios que pueden relacionarse con el inicio de procesos durante el desarrollo, como la neurogénesis. La diferencia de expresión observada sugiere que la función que desempeñan estas isoformas es diferente en cada tejido y estadio.

## **PATRONES MATERNOS DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN OVINOS DOMÉSTICOS DE IBEROAMÉRICA**

Campos García V.E.<sup>1</sup>, Pereira F.<sup>2</sup>, Fonseca Coronado S.<sup>1</sup>,  
Perezgrovas Garza R.A.<sup>3</sup>, Casas Fernández A.<sup>4\*</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. UNAM, México. <sup>2</sup>Universidad de Tras-os-Montes e Alto Douro. Portugal. <sup>3</sup>Universidad Autónoma de Chiapas. Instituto de Estudios Indígenas. México. <sup>4</sup>Instituto de Investigaciones en Ecosistemas y Sustentabilidad. UNAM, México. Manejo y Evolución de Recursos Zoogenéticos. Dirección: Antigua Carretera a Pátzcuaro 8701-No. 8701, Sin Nombre, IIES-UNAM, 58190 Morelia, Mich. Correo electrónico: [acasas@iies.unam.mx](mailto:acasas@iies.unam.mx)

En México, los ovinos domésticos, *Ovis aries*, fueron introducidos por los colonizadores ibéricos en 1522. Desde entonces, nuestro país alberga una alta diversidad de estos animales. El rebaño nacional está compuesto por: a) Ovinos criollos (razas localmente adaptadas), b) Ovinos mestizos (resultado de la cruce con los ovinos criollos y exóticos); c) Ovinos de razas exóticas, bajo el control de pequeños grupos empresariales en sistemas de producción estabulados e intensivos. Los primeros dos tipos son manejados por grupos campesinos y algunos pueblos originarios (tzotziles, ñuu savi, zapotecos, rarámuri, mazahuas, entre los más importantes) en sistemas de producción tradicional. En los contextos campesinos, están destinados a satisfacer requerimientos de la economía rural. Este ganado ha estado sujeto a procesos de selección artificial, flujo genético, deriva genética y adaptaciones locales, constituyendo un patrimonio biocultural fundamental de México. Sin embargo, es apremiante la investigación sobre la diversidad de recursos zoogenéticos ovinos, especialmente los que están bajo el cuidado de los pueblos originarios, para prevenir y revertir la erosión genética y promover políticas de conservación adecuadas. La pérdida de diversidad genética involucra la posible pérdida de genes únicos, así como la extinción de los ecotipos con adaptaciones locales. El objetivo de esta investigación, es estudiar la diversidad genética, estructura poblacional y las relaciones filogeográficas matrilineales de los ecotipos ovinos de Iberoamérica. A pesar de la relevancia de los ovinos mexicanos, los datos aún son limitados en cuanto a su diversidad genética e historia. Se realizó un análisis filogeográfico y de genética de poblaciones de la región de control del ADN mitocondrial (mtDNA), de diferentes razas ovinas y municipios del Estado de México, junto con un gran conjunto de datos de 542 secuencias de América y la Península Ibérica. Identificamos una baja diversidad genética en los ecotipos de ovejas mexicanas, todas pertenecientes al haplogrupo B. Los análisis de diversidad genética y estructura poblacional revelaron una baja distancia genética entre las poblaciones de ovejas de Cuba, México, Portugal y España, lo que sugiere un flujo genético intenso. Nuestros resultados contribuyen a una mejor comprensión de la diversidad genética de los ovinos domésticos en México e Iberoamérica.

## **MicroRNA's, ¿HORMONAS O UN NUEVO SISTEMA DE SEÑALIZACIÓN CELULAR? (PROYECTO DE INVESTIGACIÓN)**

Mejia-Carmona G.E.<sup>1</sup>, Dickens Terrazas D.<sup>2</sup>, Carrasco Urrutia V.J.<sup>3</sup>,  
Robles Escajeda E.<sup>4</sup>, Alday Montañez F.D.<sup>1</sup>, Martínez Martínez A.\*<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, Instituto de Ciencias Biomédicas, Departamento de Ciencias Químico Biológicas, Av. Benjamín Franklin No. 4650 Zona PRONAF CP 32315; <sup>2</sup>Quiescente Molecular, C. Rio Amazonas 4080, Los Nogales, C.P. 32350; <sup>3</sup>Endofem, Av. Campos Elíseos 9371, Campos Elíseos Consultorio 565, C.P. 32472; <sup>4</sup>University of Texas at El Paso, 500 W University Ave, El paso, Tx, C.P. 79968; Alejandro.martinez@uacj.mx

Debido a la complejidad del cuerpo humano y la comunicación y mecanismos de regulación que deben existir entre los diferentes órganos y sistemas, nuestro cuerpo ha desarrollado dos vías principales de comunicación: el sistema nervioso y hormonal. Específicamente el sistema hormonal secreta sustancias químicas, llamadas hormonas, que viajan a una célula blanco que puede ser ella misma, una célula vecina o bien una célula en otro tejido; y la señalizan para llevar a cabo funciones específicas en respuesta a un estímulo. Sin embargo, existe otro tipo de molécula que también se encarga de la comunicación y regulación: los microRNA's. Desde su descubrimiento en 1993, se ha observado que los microRNA's participan en múltiples procesos, como son: regulación de la apoptosis y del sistema inmunológico, hematopoyesis, diferenciación celular, desarrollo y progresión del cáncer entre otras enfermedades. Además, pueden afectar a células vecinas al ser excretados a matriz extracelular, o bien a células en diferentes tejidos al ser secretadas a circulación. Cabe destacar que, debido a su modo de excreción y señalización, algunos microRNA's han sido propuestos como hormonas paracrinas. Aun así, su papel en la comunicación y regulación en el organismo continúa sin definirse claramente. Por esto se realizará una revisión y análisis de artículos publicados desde el 2005 al 2023 en donde hablen de la función, mecanismos de señalización, acción, liberación y células blanco de los microRNA's, apoyándonos con las palabras clave "microRNA hormona". Se realizará una comparación con la función del sistema hormonal y finalmente se definirán las características bajo las cuales los microRNA's deben ser considerados como parte del sistema hormonal (endocrino, paracrino y autocrino) o ¿si representan un nuevo sistema de comunicación y señalización?

## **EFFECTO DE LA EDAD SOBRE LA MOTILIDAD DE ADULTOS SILVESTRES DE *Drosophila melanogaster***

Hernández Calderón M.L.<sup>1,2</sup>, Aguillón Gutiérrez D.R.<sup>3\*</sup>, Díaz Barriga Arceo S.<sup>4\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Citogenética Humana, FES-Cuautitlán. UNAM. <sup>2</sup>Centro de Estudios e Investigaciones Interdisciplinarios, Universidad Autónoma de Coahuila. <sup>3</sup>Laboratorio de Bioindicadores, Centro de Investigación y Jardín Etnobiológico, UADEC. <sup>4</sup>Laboratorio de Toxicología y Genética, Unidad de Investigación Multidisciplinaria, FES-Cuautitlán campo 4, UNAM. fesc.illasbeth@gmail.com

*Drosophila melanogaster* se ha utilizado como modelo biológico para el estudio del envejecimiento y esto se debe a que las neuronas motoras son muy similares entre la mosca y el humano. Se ha reportado que este insecto con la edad empieza a manifestar signos de envejecimiento tales como dormir menos, cambios de coloración, arrugas, muerte neuronal y disminución de la motilidad. El presente trabajo tuvo como finalidad evaluar el efecto de la edad sobre adultos de la cepa silvestre de *D. melanogaster* con la finalidad de establecer el periodo de tiempo en el que se pueden realizar estudios de teratogénesis conductual sin efecto del envejecimiento. Para tal fin se sometieron a la prueba de escalada en tubo moscas adultas por sexos independientes de la cepa silvestre con 6, 14 y 21 días de vida, a partir de la eclosión. Para dicha prueba se utilizó la escala de la Universidad de Manchester tomada de: Recursos | Site Title (wordpress.com) y el tratamiento estadístico de los datos se realizó con el programa SPSS. Los resultados mostraron diferencias estadísticamente significativas a partir de los 14 días de vida obteniendo una  $p=0.009$  para los machos y  $p=0.001$  para las hembras en el periodo de 6-14 días de vida y  $p=0.005$  para los machos y  $p=0.001$  para las hembras en el periodo de 6-21 días. No se encontraron diferencias estadísticamente significativas en función del sexo entre moscas de la misma edad, sin embargo, se pudieron visualizar diferencias en la organización espacial de las moscas, las hembras presentaron una tendencia a moverse formadas en línea mientras que los machos se organizaban en conjuntos más compactos. Durante la investigación se pudieron apreciar claramente los cambios de motilidad inherentes al envejecimiento, el cambio de la respuesta a estímulos exteriores y cambios en la coloración del adulto. Con base en los resultados obtenidos se considera que la edad óptima bajo nuestras condiciones de laboratorio para realizar estudios de teratogénesis conductual es a los 6 días de vida después de la eclosión. En futuras investigaciones se pretende realizar el mismo estudio en el periodo de 6-14 días cada 24 horas.

## **EL GEN *GADD45* Y SU IMPLICACIÓN EN LA RESPUESTA CEREBRAL A DIETAS HIPERCALÓRICAS EN *Drosophila melanogaster***

Sigrist Flores S.C.<sup>1\*</sup>, Ponciano Gómez J.A.<sup>1\*</sup>, Campos Aguilar M.<sup>1</sup>, Heres y Pulido M.E.I.<sup>2</sup>, Dueñas García I.E.<sup>2</sup>, Castañeda-Partida L.<sup>2</sup>, Santos-Cruz L.F.<sup>2</sup>, Saucedo Campos A.D.<sup>1,3</sup>, Piedra Ibarra E.<sup>1</sup>, Jiménez Flores J.R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Inmunología, Unidad de Morfología y Función, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, Estado de México. <sup>2</sup>Genetic Toxicology, Biology, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, Estado de México. <sup>3</sup>Hospital Regional De Tlalnepantla, ISSEMyM, Estado de México. \*santiago\_sigrist@iztacala.unam.mx

El cambio global en los patrones alimenticios hacia dietas hipercalóricas ricas en ácido palmítico y fructosa ha catalizado una creciente epidemia de enfermedades crónicas no transmisibles. La prevalencia de afecciones como la diabetes tipo 2, enfermedades cardiovasculares y la obesidad ha aumentado alarmantemente. Un denominador común subyacente en estas enfermedades es el fenómeno inflamatorio y el estrés oxidativo. Estos no son meramente espectadores pasivos, sino que juegan un papel activo en promover la disfunción celular. En particular, los niveles elevados de especies reactivas del oxígeno (ROS) pueden atacar y oxidar los componentes del DNA, llevando a roturas en las cadenas de este material genético vital. Un mecanismo de defensa crucial que nuestra biología emplea frente al daño en el DNA, ya sea por estrés oxidativo, agresiones celulares, toxinas ambientales o inflamación, es la expresión del gen *GADD45*. Este gen sirve como una señal de alarma, indicando daño en el material genético y desencadenando mecanismos reparativos. Dada la sensibilidad del cerebro a las perturbaciones metabólicas, es imperativo investigar cómo la ingesta excesiva de fructosa y ácido palmítico afecta a este órgano vital. Para arrojar luz sobre esta cuestión, empleamos larvas de tercer estadio ( $96 \pm 4$  hrs) de la cepa OREGON R(R)-FLARE de *D. melanogaster*, un modelo bien establecido en la investigación genética. Realizamos perfiles transcriptómicos en tejido cerebral para discernir los posibles efectos metabólicos de una dieta suplementada con estos componentes. De manera reveladora, nuestros datos sugieren que esta dieta no solo altera la biosíntesis de proteínas a nivel de RNAm, sino que también incrementa significativamente la síntesis de *GADD45*. Esta evidencia refuerza la idea de que el cerebro, al enfrentar dietas ricas en fructosa y ácido palmítico, está en estado de alarma, posiblemente lidiando con daños en el DNA. Esto podría ser una parte integral de un proceso de reparación del DNA y de regulación en la proliferación de células dañadas. La profundidad de estas respuestas recalca la necesidad de una alimentación equilibrada y la urgencia de más investigaciones en este campo.

## **EL EFECTO DE DIETAS RICAS EN FRUCTOSA EN LA EXPRESIÓN DEL PROTEOSOMA EN EL INTESTINO DE *Drosophila melanogaster***

Ponciano Gómez J.A.<sup>1\*</sup>, Campos Aguilar M.<sup>1</sup>, Piedra Ibarra E.<sup>1</sup>,  
Jiménez Flores J.R.<sup>1</sup>, Heres y Pulido M.E.I.<sup>2</sup>, Dueñas García I.E.<sup>2</sup>,  
Castañeda-Partida L.<sup>2</sup>, Santos-Cruz L.F.<sup>2</sup>, Saucedo Campos A.D.<sup>1,3</sup>,  
Sigrist Flores S.C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Inmunología, Unidad de Morfología y Función, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, Estado de México. <sup>2</sup>Genetic Toxicology, Biology, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, Estado de México. <sup>3</sup>Hospital Regional De Tlalnepantla, ISSEMyM, Estado de México. \*ponciano2806@hotmail.com

La exposición prolongada a dietas ricas en fructosa se ha vinculado con diversos problemas metabólicos y fisiológicos, entre ellos la resistencia a la insulina y perturbaciones en la permeabilidad de la barrera intestinal. Estas alteraciones pueden favorecer la desregulación de mecanismos de señalización intracelular, variaciones en los patrones de metilación del DNA y en la expresión génica. Uno de los efectos tempranos del consumo de estas dietas es el incremento del estrés oxidativo y la inflamación a nivel intestinal. En este contexto, es fundamental comprender el papel del proceso inflamatorio, el cual, se ha demostrado, está intrínsecamente ligado a la actividad proteasomal y a la ubiquitilación, dos procesos vitales que controlan la mayor parte de la degradación de proteínas en nuestras células. No obstante, una cuestión aún sin resolver es cómo la ingesta elevada de fructosa puede afectar directamente la degradación de proteínas en el intestino. Para abordar este vacío, recurrimos al organismo modelo *D. melanogaster*, que es ampliamente empleada en investigaciones genéticas dada su relevancia y aplicabilidad, utilizando larvas de tercer estadio ( $96 \pm 4$  hrs) de la cepa Canton-S, realizamos perfiles transcripcionales en tejido del intestino medio; buscamos determinar las repercusiones metabólicas directas de una dieta con suplementación de fructosa. Los hallazgos de nuestro estudio indican que esta dieta podría conducir a una reducción en la biosíntesis de proteínas a nivel de RNAm, específicamente, observamos una disminución en la síntesis de las subunidades del proteosoma. Esta deficiencia en las subunidades  $\alpha 4$  y  $\beta 5$  puede comprometer la función integral del proteosoma en el intestino. A largo plazo, esto podría resultar en una ineficaz degradación de proteínas en las células intestinales. Una consecuencia potencialmente peligrosa de esta deficiencia sería la acumulación de proteínas dañadas en dichas células, alterando la homeostasis del tejido.

## **EVALUACIÓN DEL EFECTO TERATOGENICO DE LAMOTRIGINA Y SU ASOCIACIÓN CON ÁCIDO FÓLICO EN EL MODELO DE *Drosophila melanogaster***

Plata Franco M.A.<sup>1</sup>, Molina Jaso D.<sup>1</sup>, Hernández Calderón M.L.<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Genética, Facultad De Estudios Superiores Cuautitlán Universidad Nacional Autónoma de México. <sup>2</sup>Centro de Estudios e Investigaciones Interdisciplinarios. Universidad Autónoma de Coahuila. mapf11071997@comunidad.unam.mx, mapf11071997@gmail.com

Esta investigación utiliza a la *Drosophila melanogaster* como modelo biológico para realizar un ensayo de teratogenicidad con el fármaco antiepiléptico (FAE) lamotrigina, uno de los FAE de segunda generación más seguros y efectivos disponibles. Esta investigación no solo busca comprobar los efectos teratogénicos de dicho fármaco, sino que también busca explorar el impacto de la exposición conjunta con ácido fólico con la finalidad de evaluar si existe alguna interacción sinérgica o antagónica entre estos fármacos. Para tal fin, se realizaron los siguientes lotes de trabajo: control negativo, metotrexato como control positivo, lamotrigina (10, 5, 2.5, 1.25, 0.62, 0.31, 0.15 y 0.07 mg/ml) y lamotrigina + ácido fólico. Cada sistema constó de 6 moscas en su estado de pupa, 3 machos y 3 hembras con la finalidad de exponer a las moscas durante todo su estadio adulto al fármaco y se realizaron cinco repeticiones por sistema. Se esperó un lapso de 1 semana para garantizar la reproducción y se sacrifican adultos para evitar alguna combinación de generaciones, de esta manera la F1 estuvo expuesta desde huevo a adulto. El análisis de los adultos de la F1 se realizó al microscopio estereoscópico y se analizó cualquier defecto congénito morfológico. Al exponer a *D. melanogaster* durante todo su proceso de maduración incluyendo la alimentación de la madre con el fármaco se intenta emular el procesos por el cual pasaría una madre humana que toma este FAE desde antes de la gestación y durante el desarrollo del feto. Nuestros resultados indican un retraso del ciclo cuando la población se expone a una concentración mayor de 1.25 mg/ml, mientras que con ácido fólico se presenta una aceleración del ciclo y mayor proliferación, las malformaciones que causa tanto lamotrigina como por metotrexato son en patas, principalmente en el último par, se observa un aumento en las malformaciones que va relacionado directamente con la dosis de lamotrigina, respaldando la bibliografía disponible de estudios en humanos que llega a la misma conclusión.

## **MICRONÚCLEOS COMO ÍNDICE DE GENOTOXICIDAD EN SERPIENTES EXPUESTAS A METALES DE INTERÉS TOXICOLÓGICO EN LA COMARCA MINERA, HIDALGO: PROPUESTA METODOLÓGICA**

Ibarra-Bautista A., Gaytán-Oyarzún J.C.\*, Pulido-Flores G.,  
López-Herrera M., Fernández-Badillo L., Vázquez-Cuevas G.M.,  
Romo-Gómez C.

Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Centro de Investigaciones Biológicas,  
Laboratorio de Genética, Cubículo 2 Genética Toxicológica. ib230624@uaeh.edu.mx

Las serpientes son potencialmente vulnerables a la contaminación por Metales de Interés Toxicológico (MIT), pues poseen características conductuales y ecológicas que las hacen propensas a la bioacumulación de estos contaminantes. Sin embargo, existen muy pocos estudios que determinen los efectos genotóxicos de los MIT en estos organismos. Dado que la Comarca Minera presenta contaminación por MIT debido a su historial minero y ya que *Crotalus aquilus* es un importante miembro de la herpetofauna del lugar, se sugiere la siguiente propuesta metodológica con el ensayo de micronúcleos en sangre periférica para su aplicación en la especie como biomarcador no letal y poco invasivo de daño genotóxico. Para ello, se realizó una búsqueda bibliográfica estratificada y dirigida, que brindara sustento a la utilización del ensayo de micronúcleos en serpientes. Posteriormente, se realizó una evaluación de riesgos en la población de estudio, partiendo de la determinación de los MIT en la zona; estableciendo la probabilidad de exposición de las serpientes y el posible daño con base en la relación dosis respuesta, estableciendo un riesgo potencialmente genotóxico. La propuesta metodológica describe el método de manejo de ejemplares para la toma de muestras de sangre, la toma de muestra y preparación de esta, el análisis en laboratorio de las células sanguíneas para la determinación inicial de la frecuencia espontánea de micronúcleos y el establecimiento del índice de genotoxicidad. Finalmente, se sugiere, que los resultados obtenidos de los ejemplares de vida silvestres sean contrastados contra muestras de ejemplares de cautiverio mediante una prueba de Kruskal-Wallis. Pese a la importancia ecológica de las serpientes, son pocos los trabajos de toxicología que abordan la evaluación de daños en estos organismos, a veces truncado por el estatus de protección de los animales. Por ello, es importante el desarrollo y aplicación de metodologías no letales y poco invasivas, como el ensayo de micronúcleos propuesto en el presente trabajo, que permitan determinar cuantitativamente el daño genotóxico causado por la exposición a contaminantes.

## **EFFECTO GENOTÓXICO INDUCIDO POR ACETATO DE TALIO EN RATÓN HEMBRA Y SU DESCENDENCIA**

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

Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Campus II, Universidad Nacional Autónoma de México, Batalla 5 de Mayo s/n, Ejercito de Oriente, Iztapalapa, CP 09230, CDMX, México.

\*alvarezbarrereralucila@gmail.com

La intensa actividad industrial ha aumentado la concentración en el ambiente de metales como el talio (TI) y las mujeres embarazadas son parte de la población que se encuentra expuesta de manera ambiental, cotidiana y laboral. El TI puede atravesar la barrera placentaria y llegar al feto causando efectos sobre la salud y el desarrollo. Hay evidencias de su capacidad de causar daño al material genético en modelos *in vitro*, sin embargo, los datos en modelos gestantes son escasos. Por tal motivo, el objetivo de este trabajo fue evaluar los efectos citotóxicos y genotóxicos del acetato de talio ( $\text{CH}_3\text{COOTI}$ ) en células de sangre periférica de ratones hembra preñadas de la cepa CD-1 y sus descendientes mediante el ensayo de micronúcleos. Se formaron tres grupos de seis ratones hembra preñadas: a) testigo negativo, b) y c) tratados con  $\text{CH}_3\text{COOTI}$  en dosis de 5.28 y 6.16 mg/kg, respectivamente. Las dosis se administraron en los días 6, 8, 10, 12, 14 y 16 de gestación. Se tomaron muestras de sangre periférica y se evaluó la viabilidad celular usando una tinción dual de colorantes fluorescentes. Simultáneamente, se hicieron las preparaciones citogenéticas para evaluar la frecuencia de micronúcleos (MN) con el colorante naranja de acridina; se registró el número de eritrocitos policromáticos (EPC) en 2000 eritrocitos totales y la frecuencia de MN en 2000 EPC y en 2000 eritrocitos normocromáticos (ENC), lo anterior en las hembras y sus fetos. Los resultados no mostraron cambios en la viabilidad celular de las hembras tratadas con las diferentes dosis de  $\text{CH}_3\text{COOTI}$ , así como, en sus fetos. El número de EPC aumentó únicamente en los fetos. Por otro lado, la frecuencia de MN en EPC incrementó en las hembras y en los fetos. El análisis de los resultados indica que las dosis administradas de  $\text{CH}_3\text{COOTI}$  durante la organogénesis producen genotoxicidad en la hembra y en su descendencia. Financiamiento, PAPIIT/UNAM clave IA201123.

**ANTIMUTAGENICIDAD DE *Curcuma longa* L. Y DE *Piper nigrum*  
FRENTE A LA 4-NITRO-O-FENILENDIAMINA  
EN *Salmonella typhimurium***

Cortés-Eslava J.\*, Gómez-Arroyo S., Licona-Aguilar B.G.

Laboratorio de Genotoxicología Ambiental, Instituto de Ciencias de la Atmósfera y Cambio Climático, Universidad Nacional Autónoma de México. Circuito Exterior, Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510, Ciudad de México, México. jcortes@atmosfera.unam.mx

El daño genético inducido por la contaminación ambiental se ha relacionado con la inducción de cáncer, enfermedades crónico-degenerativas, alteraciones en la reproducción, etc. Las aminas aromáticas constituyen peligros ambientales y son carcinógenos en seres humanos, entre ellas las fenilendiaminas forman parte de diversos tintes y colorantes de uso común, específicamente la 4-nitro-*o*-fenilendiamina (NOP) es un mutágeno directo ampliamente probado. Por otro lado, derivados vegetales como la cúrcuma protegen contra moléculas reactivas o bloquean el daño al ADN, además se ha mencionado que la pimienta negra potencia su efecto. El principio activo de la cúrcuma es el polifenol curcumina (responsable de su color amarillo), se le ha descrito como un potente inhibidor de cáncer, de la intoxicación del hígado y de procesos inflamatorios, retardante del envejecimiento celular y antioxidante. No obstante, el efecto antimutagénico ha sido poco estudiado. Con el objetivo de evaluar el efecto de la cúrcuma y de la cúrcuma + pimienta negra aplicadas previa, simultánea y posteriormente al tratamiento con la NOP, se utilizó la bacteria *Salmonella typhimurium*, mutante con requerimiento de histidina (His-), particularmente la cepa TA98 que detecta agentes que inducen corrimiento del mensaje por la inserción o pérdida de pares de bases, empleando el ensayo de Ames. Como testigo de antimutagenicidad se utilizó la clorofilina. Los resultados mostraron claramente que tanto la cúrcuma, como la cúrcuma+pimienta negra disminuyeron la mutagenicidad inducida por la NOP conforme se incrementó la concentración ( $p < 0.01$ ). El estudio de los fitoquímicos ha reportado que diversos metabolitos secundarios que actúan como defensa natural de las plantas, representan una de las principales fuentes de compuestos con propiedades antimutagénicas y quimiopreventivas, así, la cúrcuma y la cúrcuma+pimienta mostraron un prometedor potencial antimutagénico, considerando que su contenido de curcumina podría ser responsable de su eficacia en este ensayo. Así, la cúrcuma y cúrcuma+pimienta pueden actuar como una posible fuente antimutagénica/antioxidante. Estudios posteriores deberán aislar sus fito-constituyentes activos y explorar su eficacia quimiopreventiva.

**INDUCCIÓN DE VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Oryza sativa*  
MEDIANTE METANOSULFONATO DE ETILO  
Y SU EFECTO EN LA RESISTENCIA A LA SALINIDAD**

Preciado-Medina E.A.<sup>1\*</sup>, Gómez-Leyva J.F., Lopez-Muraira I.G.,  
Segura Castruita M.A., Martinez-Flores H.

Tecnológico Nacional de México-Instituto Tecnológico de Tlajomulco Km 10, Carr.  
Tlajomulco, Cto. Metropolitano Sur, 45640 Tlajomulco de Zúñiga, Jal.  
eliasandres.pm@gmail.com, juan.gl@tlajomulco.tecnm.mx

En la actualidad, el requerimiento alimenticio de la población mundial va al alza, por lo que se requiere producir mayor cantidad de alimentos, sin embargo, existen adversidades en cultivos que ocasionan un bajo rendimiento, tales como la salinidad del suelo. Es por esto que el uso de mutágenos, como el EMS, permite desarrollar nuevas variedades de cultivos, mediante la alteración de su genotipo. El objetivo de esta investigación, es inducir la variabilidad genética de *O. sativa* para obtener variantes con resistencia a medios salinos. Para esto, inicialmente se estableció la dosis letal (DL<sub>50</sub>) de metanosulfonato de etilo en semillas de *O. sativa* con concentraciones de 0 mM (Control), 20 mM, a 80 mM, a dos distintos tiempos de 6 y 12 horas. Empleando la DL<sub>50</sub> se procedió a mutagenizar 3,000 semillas y se sembraron en suelo y se aplicaron dos riegos por semana con agua salina (100 mM y 17mM de NaCl) durante siete semanas. Las plantas sobrevivientes se trasplantaron en macetas con sustrato sin salinidad para asegurar su sobrevivencia. Posteriormente se realizaron pruebas de variabilidad genética utilizando un oligo de secuencia (GA)8C. Asimismo se realizaron análisis de metabolitos presentes en plantas bajo estrés salino. La dosis letal 50 de metanosulfonato de etilo fue de 40 mM y a 6 horas de tiempo de reacción. En los tratamientos de salinidad, se obtuvieron 63 plantas sobrevivientes en el tratamiento control mutadas, 31 plantas en el tratamiento de 17mM NaCl, 17 plantas en el tratamiento 17 mM NaCl control (No mutadas), 13 plantas en el tratamiento de 100 mM NaCl, y sin sobrevivientes en el tratamiento de 100 mM de NaCl usando semillas sin mutar. Las pruebas de variabilidad genética demostraron que existen diferencias en algunas de las plantas sobrevivientes al estrés salino.

## **DIVERSIDAD DE POBLACIONES DE RAZAS DE MAÍZ ADAPTADAS A VALLES ALTOS DEL CENTRO DE MÉXICO**

López-Martínez M.I.<sup>1</sup>, Flores-Martínez B.A.<sup>1</sup>, García-Zavala J.J.<sup>1</sup>, Lobato-Ortíz R.<sup>1</sup>, Corona-Torres T.<sup>1</sup>, Pérez-Ruíz R.V.<sup>2</sup>, Melchor-Flores J.D.<sup>3</sup>, López-Ramírez I.<sup>3</sup>, García-Aguilar K.S.<sup>3</sup>, Hernández-Rodríguez M.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Colegio de Postgraduados Campus Montecillo, Texcoco, Estado de México. <sup>2</sup>Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Lerma. Lerma de Villada, Estado de México, 52005.

<sup>3</sup>Universidad Autónoma del Estado de México, Unidad Académica Profesional Acolman, Estado de México. \*hernandez.martha@colpos.mx

El maíz es una especie muy diversa y con notable plasticidad fenotípica en respuesta a cambios medioambientales por lo que entender la dinámica genética que subyace el proceso de mejoramiento para adaptación, es importante para ampliar nichos ecológicos y la base genética de las poblaciones de maíz, así como ayudar a preservar su diversidad genética, entre algunos. Con la finalidad de evaluar los cambios en la diversidad de poblaciones de razas de maíz adaptadas mediante selección masal a Valles Altos del Centro de México, se examinaron loci de regiones heterocromáticas y de regiones activas del genoma de 22 poblaciones de 11 razas de maíz. Estas razas fueron Pepitilla, Tabloncillo, Comiteco, Celaya, Vandeño, Tepecintle, Olotillo, Nal-tel, Zapalote Chico, Tuxpeño y Cónico Norteño las cuales fueron comparadas considerando una población de cada raza en su versión original y en su versión adaptada. La examinación del efecto de la selección se hizo mediante marcadores SSR y SNP. En general, el análisis de 37,752 secuencias polimórficas dominantes reveló siete grupos compuestos por la versión original y la versión adaptada de cada raza, es decir, hubo siete grupos y cada uno de ellos se agrupó a la misma distancia genética. En estos casos, la población original y la población adaptada fueron las mismas. En cambio, las poblaciones de las cuatro razas restantes se agruparon en grupos diferentes probablemente debido a que, en estas poblaciones, aunque de la misma raza, tanto la población original como la adaptada no compartieron el mismo origen geográfico. También se observó que la selección para adaptación cambió mínimamente la diversidad y frecuencia alélica; por ejemplo, en la población Zacatecas58 de Cónico Norteño, éstas fueron de 0.380/0.78 y 0.381/0.71 para la población original y adaptada, respectivamente, con reducción de la  $H_e$  de 0.280 a 0.140 después de 24 generaciones de selección. Estos resultados ayudarán a sentar la base para entender los cambios fenotípicos que se observan en las poblaciones adaptadas de estas razas de maíz después de su selección a largo plazo.

TL 13

## **DETECCIÓN Y ESTUDIO DE GENES AFECTADOS POR VARIACIÓN DE NÚMERO DE COPIAS (CNAS) EN MUJERES DE UNA FAMILIA CON ANTECEDENTES DE LESIONES ESCAMOSAS INTRAEPITELIALES DE BAJO Y ALTO GRADO DE CUELLO UTERINO**

Antonio-Guzmán J.A., Martínez-Escobar A., Ramón-Gallegos E.\*

Escuela Nacional de Ciencias Biológicas-IPN. Campus Zacatenco. Unidad Profesional "Adolfo López Mateos", Calle Wilfrido Massieu esquina Cda. Manuel Stampa Zacatenco, Del. Gustavo A. Madero, C.P. 07738, México, Ciudad de México. Correo electrónico: eramong@ipn.com.

Las aberraciones de número de copias (CNAs) son deleciones o duplicaciones de segmentos genómicos continuos de al menos 1 kb hasta 1 Mb, cuando afectan genes de alta importancia como genes supresores de tumor y protooncogenes tienen efectos sobre fenotipos patógenos específicos como el cáncer. Previamente al cáncer, se desarrollan lesiones premalignas como las lesiones escamosas intraepiteliales de bajo grado (LEIBG) y lesiones escamosas intraepiteliales de alto grado (LEIAG), las cuales tienen entre sus factores de riesgo la heredabilidad de variaciones del DNA como son las CNAs. El objetivo de este trabajo fue analizar los genes involucrados en la ganancia y pérdida de heterocigosidad en una familia mexicana con antecedentes de LEIBG y LEIAG. Se realizó el análisis *in silico* mediante el programa *Rawcopy* utilizando archivos CEL procesados con la plataforma *Affymetrix Genome Wide SNP array 6.0*, cuyas muestras digitalizadas son de una familia con antecedentes de LEIBG y LEIAG y fueron asignadas como: Control 1, Control 2, LEIBG I, LEIBG II y LEIAG, siendo los controles I y II los individuos no afectados. Se realizó un filtrado para separar aquellas CNAs que compartían solamente las afectadas por la patología y las no afectadas (controles), posteriormente se analizaron los genes incluidos en las regiones con deleción o duplicación, luego, se seleccionaron aquellos cuya bibliografía las relacione con LEIBG, LEIAG y cáncer. A estos genes seleccionados se les realizó PCR tiempo real para validar lo encontrado en el microarreglo de SNPs. Se encontraron 73 pérdidas y 426 ganancias en las afectadas y no en los controles, de los cuales fueron afectados 141 genes a partir de las pérdidas y 537 genes a partir de las ganancias. Los genes seleccionados de mayor importancia de acuerdo con sus funciones y asociación bibliográfica a LEIBG, LEIAG y CaCU fueron: MYC, PIK3CA, SMAD2, ARID1A, YES1, APOBEC3, CCND2 Y PTEN.

TL 14

## **REGULACIÓN EPIGENÉTICA DEL GEN *PTEN*: UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA DE LOS MECANISMOS MEDIADOS POR MicroARN EN EL CÁNCER DE PRÓSTATA**

López Cazares A.S., González López K., Martínez Camberos A.P.\*, Bergez Hernández F.A., Morales Hernández K.L., Barbosa Jasso M.P., Irigoyen Arredondo M.J.

Licenciatura en Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Occidente. Av. del Mar 1200, Tellería, 82100. Mazatlán, Sinaloa. \*alejandra,martinez@uadeo.mx

El gen fosfatasa y homólogo de tensina (*PTEN*) es fundamental en la regulación de diversos procesos celulares, incluido el crecimiento, la diferenciación, la proliferación y la supervivencia celular, principalmente mediante la modulación de la vía de señalización PI3K/Akt/mTOR. Se han identificado numerosos microARN como reguladores de *PTEN*; su desregulación resulta en niveles de expresión reducidos, estrechamente relacionados con el inicio y la progresión del cáncer de próstata (CaP). Por lo tanto, realizamos una revisión sistemática de los principales microARN involucrados en la regulación de *PTEN* en el desarrollo del CaP. Se realizó una revisión sistemática de literatura publicada hasta marzo de 2023 siguiendo la guía "Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analysis". Se utilizaron las bases de datos Medline, PubMed Central y Scopus para identificar artículos centrados en la expresión génica relativa de microRNA en tejido o circulación de CaP, asociada con la regulación de *PTEN*. Se incluyeron un total de 39 artículos, evaluando su calidad por análisis de sesgo. Se informó que 42 microARN estaban involucrados en el desarrollo y la progresión del CaP a través de la desregulación de *PTEN* (34 sobre expresados y ocho sub-expresados). Se identificaron 16 microARN como principales reguladores de la carcinogénesis mediada por la regulación negativa de *PTEN*, siendo principalmente componentes de la familia del microARN 17 y el miR-21 los más reportados en CaP. El silenciamiento de *PTEN* también podría promoverse por metilación de su promotor, existiendo un bucle entre miR-200b y DNMT1. Según nuestra revisión, la subexpresión de *PTEN* mediada por el miR-21 tiene un papel central en la activación de la vía PI3K/Akt/mTOR y las interacciones con genes intermediarios apoyan la inhibición de la apoptosis, angiogénesis, proliferación, invasión y metástasis; por lo tanto, podría ser un biomarcador potencial para diagnóstico, pronóstico y objetivo terapéutico en CaP.

TL 15

## **DIVULGACIÓN EN REDES SOCIALES ACERCA DE LAS ENFERMEDADES RARAS O POCO COMUNES EN MÉXICO (LTC: ENFERMEDADES RARAS)**

Carrasco Morán D.A.,<sup>1</sup> Hernández Zamora E.<sup>2</sup>, Hernández Baltazar J.R.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Dirección General de Divulgación de la Ciencia, Circuito Cultural de Ciudad Universitaria S/N, Coyoacán, Cd. Universitaria. C.P. 04510. Ciudad de México. <sup>2</sup>Medicina Genómica, Instituto Nacional de Rehabilitación Luis Guillermo Ibarra Ibarra, Calzada México-Xochimilco 289, Arenal de Guadalupe, Tlalpan. C.P. 14389. Ciudad de México. \*Exdirector del Museo de la Luz. [diego\\_moran1702@ciencias.unam.mx](mailto:diego_moran1702@ciencias.unam.mx), [edgarhz1969@yahoo.com.mx](mailto:edgarhz1969@yahoo.com.mx), [joseramon@unam.mx](mailto:joseramon@unam.mx)

La investigación sobre Enfermedades Raras (ER) a nivel mundial es uno de los campos más limitados. No sólo por la poca información clínica documentada, sino porque en la sociedad no existe la cultura de informar y concientizar acerca del conocimiento de las ER. Este trabajo formó parte del Servicio Social del primer autor, con el fin de divulgar diversos tópicos científicos. Para ello se creó la página electrónica "La Tacita de la Ciencia" (LTC) y así impulsar la interacción entre investigadores y divulgadores. El objetivo del proyecto fue generar contenido de divulgación, particularmente sobre ER en México. Así se incluyó "LTC: Enfermedades Raras". Contenido como videos de corta duración fue publicado en redes sociales (rs): Facebook, TikTok e Instagram. Se pretende llegar a los pacientes y/o familiares que viven con una o varias afecciones relacionadas con alguna ER. Y con ello, generar una comunidad y un sitio de divulgación confiable y verídico. A partir de artículos publicados y entrevistas a diferentes investigadores nacionales, haciendo énfasis en observaciones clínicas, genéticas y fisiológicas en pacientes mexicanos diagnosticados con alguna ER. Se realizó y se realiza, contenido audiovisual donde se habla desde las generalidades, afecciones, terapias ortopédicas y posibles puntos que sean de interés de un paciente, familiar y/o público general que conozca alguien que viva con alguna ER o poco común. Esta información fue publicada en diferentes rs en junio de 2022 y a la fecha, se ha visto una interacción activa en los videos publicados en las rs Facebook y TikTok, donde se ha publicado contenido de algunas enfermedades, como: Enfermedad de Charcot-Marie-Tooth, Distrofias Musculares de Duchenne y Becker, Artrogriposis Múltiple Congénita, entre otras. Incluso, algunos internautas que viven con alguna de estas enfermedades han compartido en los comentarios su experiencia y dudas personales. La divulgación de la ciencia es el vínculo: Ciencia-Sociedad. El proyecto "LTC: Enfermedades Raras" invita a que académicos, investigadores, médicos, personal del área de la salud y los divulgadores científicos, colaboren juntos para generar un proyecto que comunique a la población y proponga alternativas ante una problemática social relacionada con el estudio de la genética en ER.

TL 16

**GENOTOXICIDAD DE AGENTES FÍSICOS Y QUÍMICOS, EVALUADA DE 1994 A 2022, CON LA PRUEBA DE MUTACIÓN Y RECOMBINACIÓN SOMÁTICAS (SMART) EN ALAS DE *Drosophila melanogaster***

Heres y Pulido M.E.I.<sup>1</sup>, Dueñas-García I.E.<sup>1</sup>, Castañeda-Partida L.<sup>1</sup>, Santos-Cruz L.F.<sup>1</sup>, Sánchez López J.M.<sup>2</sup>, Velázquez-Ulloa N.A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Toxicología Genética, Biología, FES Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Los Barrios N 1, Los Reyes Iztacala, C.P. 54090, Tlalnepantla, Estado de México, México. <sup>2</sup>Unidad de Investigación Médica en Genética Humana. Hospital de Pediatría, Centro Médico Nacional Siglo XXI, IMMS. <sup>3</sup>Biology Department, Lewis & Clark College, Portland, OR, USA

*Drosophila melanogaster* es un modelo biológico pluricelular, eucariota, que, a partir de 1984, ha tenido un papel importante en el desarrollo del ensayo Prueba de Mutación y Recombinación Somáticas (SMART, por sus siglas en inglés). Este bioensayo ofrece una opción económica, accesible y ética para investigar la presencia o ausencia de genotoxicidad, la antigenotoxicidad y la mutagénesis, así como la sinergia de compuestos cancerígenos y no cancerígenos. Se consultaron las publicaciones originales de 1994 a 2022, relacionadas con SMART en ala. Los datos obtenidos se agruparon por bloques, tales como las cruzas utilizadas [cruza estándar (ST) o alta bioactivación (HB)], los agentes físicos o químicos, en los que destacan los productos naturales solos, o combinados con algunas genotoxinas, que indujeron efectos de sinergia, antigenotoxicidad o recombinación. Al comparar los resultados de SMART con los compuestos incluidos en las categorías de la IARC se demuestra una alta eficiencia del bioensayo y una buena correlación con la genotoxicidad teórica de los agentes físicos y químicos.

TL 17

## **ESTUDIO *IN VITRO* E *IN VIVO* DEL EFECTO GENOTÓXICO DE UNA BEBIDA ENERGIZANTE Y DE SUS PRINCIPALES COMPONENTES TAURINA Y CAFEÍNA**

Díaz Barriga Arceo S.<sup>1\*</sup>, Arenas Cordero L.M.<sup>1</sup>, García Tovar C.G.<sup>1</sup>, Mercado Márquez C.<sup>1</sup>, Sánchez-Alarcón J.<sup>2</sup>, Valencia-Quintana R.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Unidad de Investigación Multidisciplinaria Laboratorios 4, 9 y Bioterio. Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, UNAM. <sup>2</sup>Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala.

El consumo de bebidas energéticas en adolescentes y jóvenes adultos abarca una población estimada en edad de 15 a 30 años. Su consumo es muy frecuente desde hace ya varias décadas. PROFECO realizó un sondeo en 2011 a 349 personas mayores de 18 años revelando que el 73% de esta población encuestada ha consumido estas bebidas. El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar el efecto genotóxico de una bebida energizante, así como de cafeína y taurina, considerados los principios activos principales, sobre un cultivo celular y administrado a roedores. En ambos casos el parámetro a evaluar fue el daño al DNA con el ensayo cometa en su versión alcalina. En el primer caso, cultivos de linfocitos humanos fueron expuestos a 64  $\mu\text{M}$ , 128  $\mu\text{M}$  y 256  $\mu\text{M}$  de Taurina; 41  $\mu\text{M}$ , 82  $\mu\text{M}$  y 165  $\mu\text{M}$  de Cafeína; y 0.2, 0.4, 0.8 y 1.0 % (v/v) de la bebida RedBull. En el estudio *in vivo*, lotes de 5 ratones CD1 fueron administrados *ad libitum* en una dosis única: lote I taurina 100 mg/kg, lote II cafeína 100 mg/kg, lote III Red Bull® 7mL promedio/ratón, lote IV control negativo solo agua purificada. *In vitro* el daño al DNA se determinó clasificando las caudas obtenidas en cada tratamiento y calculando el IDG (índice de daño genético) con el cual se realizó el análisis estadístico de los datos. *In vivo* se determinó el daño al DNA cuantificando el momento de la cauda en los hepatocitos de los animales con los diferentes tratamientos, realizando las lecturas con el programa Comet Assay IV acoplado al microscopio Axioscope Zeiss de Epifluorescencia. Los resultados del IDG de todos los tratamientos *in vitro* muestran diferencias estadísticamente significativas con respecto al control negativo (ANOVA y Prueba de Tukey  $p < 0.05$ ). Por otro lado, el valor promedio del momento de la cauda en los hepatocitos de los ratones que consumieron la bebida energética no demostró efecto genotóxico, a diferencia de los lotes con cafeína y taurina donde el efecto resultó con diferencias estadísticamente significativas (Prueba t  $p < 0.05$ ) respecto al testigo negativo.

TL 18

## ASINCRONÍA ENTRE LA CITOTOXICIDAD Y LA GENOTOXICIDAD INDUCIDA POR ANEÚGENOS *IN VIVO*

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

Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, Departamento de Biología.  
pedro.morales@inin.gob.mx

El paradigma del desarrollo de agentes antineoplásicos dice que son agentes que dañan el ADN o su síntesis de forma directa o indirecta y que de esta forma afectan la proliferación de las células cancerosas. Previamente obtuvimos evidencia de que la difluordesoxicitidina no cumplía con el paradigma y buscamos una estrategia para comparar la genotoxicidad y citotoxicidad a partir de nuestros datos previamente publicados. En este trabajo se reporta la aproximación para establecer si existe esta correlación entre las cinéticas de la actividad genotóxica y citotóxica inducidas por aneúgenos. Para lo cual se compararon las cinéticas de inducción de eritrocitos policromáticos micronucleados y de reducción de eritrocitos policromáticos en sangre periférica. Lo cual implica la comparación de la inducción de genotoxicidad y citotoxicidad en normoblastos y células eritropoyéticas de la médula ósea de ratón *in vivo*. Las características de este modelo experimental son que permite determinar i) la genotoxicidad y citotoxicidad en las células del mismo linaje en la misma muestra; ii) en un modelo *in vivo*; iii) en células en proliferación de igual forma que las células cancerosas; iv) las cinéticas tomando nuestras pequeñas de sangre de la cola, por lo que no requiere una intervención profunda; v) en cada animal siendo su propio control; vi) por citometría; vii) la dosis equivalente en humanos. Se administraron por vía intraperitoneal 1.34 mg/m<sup>2</sup> de vinblastina o 0.14 mg/m<sup>2</sup> de vincristina en grupos de 5 ratones. Las cinéticas de genotoxicidad y citotoxicidad fueron determinadas muestreando la sangre de la cola, antes de la administración de los aneúgenos y cada 8 h después hasta las 72 h. Los resultados indican que no hay una relación temporal directa entre la genotoxicidad y la citotoxicidad. La citotoxicidad ocurre desde mucho antes y mucho tiempo después de la respuesta genotóxica. Esto se puede explicar por la acción de estos agentes sobre la tubulina relacionada con otros procesos vitales para la célula e independientes del arresto del proceso mitótico. De tal forma que no se cubre con el paradigma del desarrollo de antineoplásicos. Esto podría tener implicaciones sobre el uso de estos agentes con fines terapéuticos.

TL 19

## **EVALUACIÓN DEL DAÑO GENÉTICO INDUCIDO POR GLIFOSATO Y TRES FORMULACIONES COMERCIALES CON ADYUVANTES, EN CÉLULAS DE SANGRE HUMANA**

Reynoso-Silva M.<sup>1\*</sup>, Alvarez-Moya C.<sup>1</sup>

Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Departamento de Biología Celular y Molecular, CUCBA, Universidad de Guadalajara. Camino Ramón Padilla Sánchez No. 2100 Nextipac. Zapopan, Jalisco, México. C.P.45200. \*monica.reynoso@cucba.udg.mx

Existe una gran controversia con respecto a la genotoxicidad del glifosato [N-(fosfometil)glicina]. Se ha sugerido que la genotoxicidad de este herbicida aumenta por los adyuvantes agregados a las formulaciones comerciales a base de glifosato. En el presente trabajo se evaluó el efecto de varias concentraciones de glifosato y tres herbicidas comerciales a base de glifosato (GBH) en linfocitos humanos. Células de sangre humana fueron expuestas a glifosatos de 0.1, 1, 10 y 50 mM, así como a concentraciones equivalentes de glifosato en formulaciones comerciales. El daño genético se determinó mediante la prueba del cometa. Se observó daño genético significativo respecto a los controles negativos ( $p < 0,05$ ) en todas las concentraciones con glifosato, FAENA y TACKLE. Estas dos últimas formulaciones comerciales mostraron una genotoxicidad dependiente de la concentración, pero en una mayor proporción en comparación con el glifosato puro solamente. Las concentraciones de glifosato aumentaron la frecuencia y el rango de longitud de la cola de algunos grupos de migración, lo mismo se observó para FAENA y TACKLE, mientras que en CENTELLA el rango de migración disminuyó, pero la frecuencia de los grupos migratorios aumentó. Es claro que el glifosato puro y GBH comerciales (FAENA, TACKLE y CENTELLA) dieron señales de genotoxicidad en linfocitos humanos. La genotoxicidad aumentó en las formulaciones e indica actividad genotóxica de los adyuvantes presentes en estos productos. El uso del parámetro grupos de migración nos permitió detectar cierto tipo de daño genético asociado a diferentes formulaciones.

TL 20

**DAÑO GENÉTICO EN CÉLULAS SANGUÍNEAS HUMANAS EXPUESTAS A LÁMPARAS GERMICIDAS Y PROTECCIÓN DEL ÁCIDO ASCÓRBICO**

Álvarez-Moya C., Reynoso-Silva M.

Laboratorio de Mutagénesis Ambiental, Departamento de Biología Celular y Molecular, CUCBA, Universidad de Guadalajara. Camino Ramón Padilla Sánchez No. 2100 Nextipac. Zapopan, Jalisco, México. C.P.45200. \*calvarez@cucba.udg.mx

Las lámparas germicidas son muy utilizadas como herramienta desinfectante, tienen un rango de longitud de onda de 200-280 nm y pueden afectar la integridad del ADN de personas que manipulan estos equipos. En este trabajo se evalúa daño genético y capacidad protectora post-tratamiento del ácido ascórbico en ADN de células sanguíneas humanas expuestas a radiación UV-C (254 nm) emitida por lámparas germicidas. Se utilizó la prueba cometa con tres parámetros: longitud de la cola, momento de la cola y grupos de migración. La exposición de las células sanguíneas a radiación UV se desarrolló a los siguientes tiempos: 5, 10 y 15 minutos. El efecto antigenotóxico se evaluó en células expuestas simultáneamente a UV-C y ácido ascórbico 5, 10 y 15 mM. Los tres parámetros mostraron actividad genotóxica y efecto radio-protector del ácido ascórbico significativos respecto al control negativo ( $p < 0.05$ ) en los tiempos de exposición a UV-C. Aunque se conoce la capacidad genotóxica de la radiación UV-C, el manejo de estas lámparas es frecuentemente erróneo y peligroso para personas u organismos expuestos. Nuestros datos sugieren que el ácido ascórbico aumenta la protección del ADN en las células expuestas a la radiación UV-C.

TL 21

## **ANÁLISIS *IN SILICO* DE MUTACIONES DEL GEN *PTEN* Y SU RELACIÓN EN EL DESARROLLO DE CÁNCER DE PRÓSTATA**

González López K., López Cazares A.S., Martínez Camberos A.P.,  
Bergez Hernández F.A., Morales Hernández K.L., Barbosa Jasso M.P.,  
Irigoyen Arredondo M.J.\*

Licenciatura en Ciencias Biomédicas, Universidad Autónoma de Occidente. Av. del Mar 1200,  
Tellería, 82100. Mazatlán, Sinaloa. \*martin.irigoyen@uadeo.mx

El gen fosfatasa y homólogo de tensina (*PTEN*) es un gen supresor de tumores localizado en 10q23 que codifica para una proteína de 403 aminoácidos. *PTEN* es el principal antagonista de la vía de señalización PI3K-AKT/PKB, la cual interviene en la modulación de la progresión del ciclo celular y en la supervivencia celular. Las mutaciones somáticas de *PTEN* afectan la estabilidad y funcionalidad de la proteína. Estas mutaciones son comúnmente reportadas en cáncer de próstata (CaP). El propósito de la investigación fue determinar los efectos de las mutaciones reportadas en el gen *PTEN* y su relación en la evolución del CaP. Se realizó un análisis *in silico* utilizando las bases de datos PubMed, Protein Data Bank y UniProt para llevar a cabo la revisión bibliográfica del estado del arte en relación con el gen *PTEN*. Se emplearon palabras clave como "PTEN gene", "PTEN mutations" y "prostate cancer", lo que condujo a la identificación de un total de 1564 artículos. De esta selección inicial, se escogieron 20 artículos para llevar a cabo la revisión de las mutaciones. Una vez recopilada la información necesaria, se procedió a ejecutar el proceso de selección del código de la proteína con el propósito de identificar su estructura. Simultáneamente, se evaluaron todas aquellas propiedades químicas que contribuyen a la estabilidad requerida para no afectar su función. Para realizar la predicción automática de posibles cambios en la estabilidad o funcionalidad de las proteínas, se emplearon las herramientas SNPs&GO, I Mutant2.0 y PyMOL, para evaluar las mutaciones previamente seleccionadas. Se determinó que las mutaciones D107Y, G132D, K147, R173C, D252Y, L295fs, R130X, R233X y R335X podrían causar la pérdida de la función inhibitoria de la vía PI3K-AKT/PKB, produciendo una respuesta proliferativa y anti-apoptótica relacionada con el desarrollo de CaP. Se proponen éstas como dianas para posteriores estudios *in vitro*.

TL 22

## **IMPORTANCIA DEL ESTUDIO DEL VANADIO Y SUS AVANCES EN UNIGEN**

Alcántara Mejía V.A., Ocampo Aguilera N.A., Mateos Nava R.A.,  
Álvarez-Barrera L., Rodríguez-Mercado J.J.\*, Altamirano Lozano M.A.†

Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Campus II, Universidad Nacional Autónoma de México, Batalla 5 de Mayo S/N, Ejercito de Oriente, Iztapalapa, CP 09230, CDMX, México.

\*juserom@unam.mx; † en memoria (23/01/2021)

El vanadio (V) es un metal de la serie de transición de la tabla periódica, fue descubierto por el mexicano Andrés Manuel del Río en 1801 y posteriormente redescubierto por Sefstrom en 1830. Es esencial para varios organismos, incluidos algunos mamíferos, pero su requerimiento para el ser humano no se ha confirmado. Tiene múltiples usos industriales, farmacológicos y terapéuticos. Es considerado contaminante ambiental que se absorbe poco, pero se bioacumula en gónadas, hígado, hueso, riñón y pulmón. Tiene gran afinidad por los ácidos nucleicos por lo que se acumula principalmente el núcleo y la mitocondria, sin embargo, puede intervenir en distintas vías metabólicas y reaccionar con las diferentes biomoléculas. Dentro de la diversidad de compuestos de V están los óxidos, que se forman en la atmósfera durante la quema de combustible fósil, mismo que pueden ingresar por el sistema respiratorio. La Unidad de Investigación en Genética y Toxicología Ambiental (UNIGEN) de la Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, UNAM, por más de tres décadas se ha dedicado al estudio del V y sus compuestos. La UNIGEN ha reportado que los óxidos de V son reprotóxicos, fetotóxicos, embriotóxicos, además, la descendencia de ratones ha presentado osificación incompleta y reducción del tamaño o peso. Los estudios citogenéticos in vitro han demostrado que son genotóxicos y citostáticos, los análisis moleculares han demostrado retraso del ciclo celular en fase G1/S vinculado a la disminución del ARNm y proteínas encargadas de controlar la progresión del ciclo celular y de la reparación del daño al ADN. Actualmente los resultados obtenidos muestran que los efectos del vanadio están asociados a la generación de especies reactivas de oxígeno que son posibles responsables de dañar al ADN y activar los mecanismos de reparación.

TL 23

**ESTUDIOS GENÉTICOS EN LA ENFERMEDAD DE LEGG-CALVE-PERTHES**

Rodríguez Olivas A.O., Hernández Zamora E.\*, Casas Ávila L.,  
Reyes Maldonado E.

Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional.  
Departamento de Investigación en Medicina Genómica, Instituto Nacional de Rehabilitación  
Luis Guillermo Ibarra Ibarra. \*edgarhz1969@yahoo.com.mx

La enfermedad de Legg-Calve-Perthes (ELCP) es una enfermedad clasificada como rara, ya que su incidencia es desconocida y se presenta en una cantidad pequeña, pero importante de la población mundial. La ELCP es una condición pediátrica en la cual se cursa con una necrosis uni-o-bilateral de la cabeza femoral, que afectará en diversos grados el rango del movimiento de la cadera. Esta enfermedad fue descrita y estudiada hace más de 100 años, pero su etiología sigue siendo desconocida; múltiples teorías se han propuesto, entre ellas figuran la trombosis, sobrecarga mecánica, inflamación subclínica, entre otras. No obstante, y al igual que otras enfermedades raras, un componente genético podría ser la causa de las alteraciones en los mecanismos antes mencionados. Nuestro objetivo fue estudiar mediante qPCR, diez diferentes mutaciones y polimorfismos, relacionados con mecanismos asociados con la ELCP y osteonecrosis de la cabeza femoral; en un grupo de 23 pacientes que sufren ELCP y 23 controles sanos, con rangos similares en edad, talla y peso. Se encontró una diferencia estadísticamente significativa en el polimorfismo IL23R rs1569922; este polimorfismo se relaciona con la inflamación subclínica. Nos dimos a la tarea de analizar los índices del sistema internacional de inflamación, encontrado que existe una diferencia significativa en el SII y la R N/L, mostrando así que existen estados proinflamatorios en nuestro grupos de pacientes, que afectarán por diversos mecanismos la hemostasia, metabolismo de hueso entre otros. Tomados estos datos en conjunto consideramos que la ELCP es una enfermedad multifactorial en donde múltiples mecanismos con un probable trasfondo genético confluyen en una vía patogénica común desencadenando la ELCP.

TL 24

## **EXPRESIÓN DE INTERFERÓN GAMMA EN *Atractosteus tropicus* COMO MODELO DE LA ENFERMEDAD INFLAMATORIA INTESTINAL EN HUMANOS**

Morales García V., Jiménez-Martínez L.D.\*

División Académica Multidisciplinaria de Jalpa de Méndez, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Carretera estatal libre Villahermosa-Comalcalco, Km. 27+000 s/n ranchería Ribera Alta, C.P. 86205, Jalpa de Méndez, Tabasco. División Académica de Ciencias Biológicas, Carretera Villahermosa-Cárdenas Km. 0.5 S/N, entronque a Bosques de Saloya, Villahermosa, Tabasco. CP. 86150. Correo: 222S6001@alumno.ujat.mx

La enfermedad inflamatoria intestinal es un proceso de respuesta inmunológica, en donde factores estresores como el tabaquismo, el estrés laboral, los hábitos alimenticios, entre otros, participan en la modulación de la microbiota intestinal, jugando un papel importante en el mantenimiento y modulación del proceso inflamatorio; en México no se tiene un control en el registro y atención de casos por esta enfermedad, sin embargo, si se ha observado un aumento en el ingreso y hospitalización por enfermedad inflamatoria. Durante el proceso inflamatorio la capa mucosa y el tracto intestinal se ven afectados por la inducción y mantenimiento del linaje celular inflamatorio. Este linaje celular se comprende de linfocitos T del tipo proinflamatorio, que secretan IFN gamma y a su vez estimulan la diferenciación de nuevos linfocitos T, entre otras células, el cual mantiene un ambiente estresor. El presente trabajo tuvo como enfoque medir la cantidad de transcritos para interferón gamma que se expresaron durante el desarrollo del proceso inflamatorio en intestino, al someter a un grupo de especímenes de pejelagarto a dietas ricas en lípidos como agente estresor, posteriormente se realizó la disección de intestino, extracción de ARN y cuantificación de transcritos correspondientes para IFN gamma y NOD  $\frac{1}{2}$  por PCR tiempo real. Los resultados encontrados indican que IFN gamma se mantiene expresado durante el transcurso de la inflamación al ser comparado contra el control obtenido de una dieta rica en proteínas y baja en lípidos, así como de la actividad del complejo JAK-STAT1 que se encarga de mantener la traducción del transcrito de interferón gamma durante el estadio inmunológico como efecto final en la degeneración del tejido de revestimiento y enterocitos.

TL 25

## **EVALUACIÓN *IN VITRO* DEL EFECTO CITOTÓXICO Y APOPTÓTICO DEL EXTRACTO ETANÓLICO DE ANTOCIANINAS DE *Hibiscus sabdariffa* EN LA LÍNEA CELULAR B16F10 DE MELANOMA.**

Regalado-Noyola Y.J.<sup>1</sup>, Gómez-Leyva J.F.<sup>1\*</sup>, Hernández-Gutiérrez R.<sup>2</sup>, Flores-Hernández F.Y.<sup>2</sup>, López-Muraira, I.G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Tecnológico Nacional de México-Instituto Tecnológico de Tlajomulco, Km 10 Carr. Tlajomulco, Cto. Metropolitano Sur, 45640 Tlajomulco de Zúñiga, Jal.

<sup>2</sup>Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, Av. Normalistas 800, Colinas de La Normal, 44270 Guadalajara, Jal.  
regalado.yanelli@gmail.com \*juan.gl@tlajomulco.tecnm.mx

El melanoma es la forma más peligrosa de cáncer cutáneo, se origina en los melanocitos que se ubican en diferentes partes del cuerpo, incluyendo la piel, el iris y el recto. La búsqueda de compuestos naturales con actividad citotóxica es una de las prioridades actuales de la lucha contra el cáncer; motivo por el cual el objetivo del presente trabajo fue evaluar la actividad citotóxica y apoptótica *in vitro* del extracto etanólico rico en antocianinas de *Hibiscus sabdariffa* (Jamaica) sobre las líneas celulares B16F10 de melanoma y células mesenquimales 37/18. Se realizó una extracción etanólica del cáliz de *Hibiscus sabdariffa*, así como una purificación mediante el uso de una columna de Amberlita XAD-7 para obtener un extracto rico en antocianinas (delfinidina-3-sambubiosido y cianidina-3-sambubiosido). Se aplicaron concentraciones de 50-750 µg/mL por 48 horas a ambas líneas celulares. El análisis de citotoxicidad y apoptosis se analizó mediante citometría de flujo utilizando el BD™ Cell Viability Kit y Annexin V respectivamente. Se demostró que la concentración a la cual se presenta un efecto citotóxico contra estas líneas celulares con una IC<sub>50</sub> de 201 µg/mL para B16F10 y 398 µg/mL para 37/18, en cuanto a la muerte celular para B16F10 se obtuvo un 38.6% por apoptosis temprana y 40.1% de necrosis; para 37/18 fue de 11.6% por apoptosis temprana y 2.5% de necrosis. Se concluye que las antocianinas presentes en *H. sabdariffa* tiene efecto citotóxico con mayor porcentaje en las células B16F10 de cáncer de melanoma respecto al control sano de 37/18, en ambas líneas celulares se induce apoptosis y necrosis. Sin embargo, las antocianinas mostraron selectividad en el efecto citotóxico en células de cáncer, por lo cual las antocianinas podrían ser consideradas con un fitoterapéutico que permita tratar dicho padecimiento, es necesario continuar con ensayos *in vivo* para complementar los resultados obtenidos hasta el momento.

TL 26

## **EVALUACIÓN DEL EFECTO GENOTÓXICO DEL GALACTÓSIDO DE QUERCETINA (HIPERÓSIDO) MEDIANTE LA PRUEBA SMART EN ALA DE *Drosophila melanogaster***

Santos-Cruz L.F.\*, Dueñas-García I.E., Castañeda-Partida L., Durán-Díaz A., Ávila-Acevedo J.G., García-Bores A.M., Heres y Pulido M.E.I.

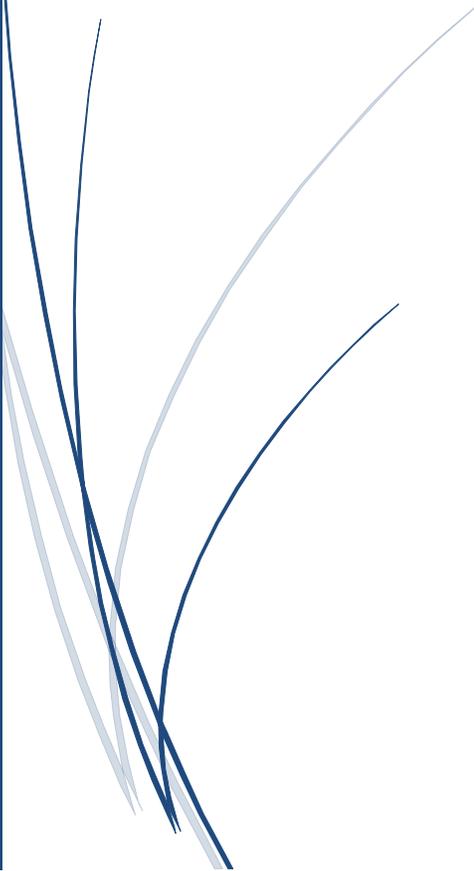
Facultad de Estudios Superiores Iztacala-UNAM. Av. De los Barrios #1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Estado de México, México. \*luisfelipesantoscruz@iztacala.unam.mx

Los flavonoides, sustancias naturales con estructuras fenólicas variables, abundantes en frutas y verduras, a los que se le han atribuido diversas propiedades benéficas. Uno de los flavonoides mayormente estudiado es la quercetina, la cual representa hasta el 70 % del total de flavonoides en nuestra alimentación. Se le han reconocido diversas propiedades, entre las que destacan citoprotectora, antiinflamatoria, antioxidante y anticancerígena. Pese a estas propiedades, algunos autores también han reportado propiedades tóxicas y genotóxicas de la quercetina en diversos modelos biológicos, por lo que la pertinencia de su uso actualmente está en discusión. Recientemente, se ha puesto atención a los derivados de la quercetina, con uno o varios azúcares unidos por enlaces glucosídicos, como una buena alternativa, ya que han demostrado actividades fisiológicas más fuertes que su precursor, y posiblemente sin los efectos adversos reportados para la quercetina. El hiperósido es un galactósido de quercetina, al que se le han asociado efectos antiinflamatorios, antigenotóxicos y hepatoprotectores. En el presente trabajo se pretende demostrar que el hiperósido a las concentraciones reportadas de consumo en humanos no tiene efecto genotóxico. Las pruebas se llevarán a cabo con las cruces Estándar (ST) y Bioactivación elevada (HB) del SMART en ala de *Drosophila melanogaster*, que difieren en la expresión de los citocromos P450 y enzimas antioxidantes como SOD y CAT. Los tratamientos fueron 0.023, 0.047, 0.095, 0.19 y 0.38 mM de hiperósido, agua MilliQ como testigo negativo, acetona-etanol 2% (1:1) como testigo disolvente, y 4NQO (2.0 mM) como testigo de genotoxicidad. Se realizaron cuatro experimentos independientes con tres repeticiones por tratamiento. El análisis estadístico se realizó con la prueba Kastenbaum-Bowman con  $P \leq 0.05$ . Los resultados indicaron que ninguna de las concentraciones probadas de hiperósido fue genotóxica para ninguna cruce, tampoco se encontraron diferencias significativas al comparar cada una de las concentraciones de hiperósido entre cruces, por lo que no se encontraron evidencias de la participación de los Citocromos P450 y/o de SOD y CAT en el metabolismo xenobiótico de este compuesto.

A thick dark blue vertical bar runs down the left side of the page. A blue arrow-shaped graphic points to the right from the bar, containing the text 'CNG 2023'.

CNG 2023

# Trabajos en cartel

Abstract decorative lines in shades of blue and grey, starting from the bottom left and curving upwards and to the right.

Rev. Int. Contam. Ambie. 39

DOI: <https://doi.org/10.20937/RICA.2023.39.SMGM>

TC 01

## DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE LA INCIDENCIA DE ANTRACNOSIS EN PLANTACIONES DE *Annona muricata* L., EN EL MUNICIPIO DE PALENQUE, CHIAPAS

Hernández-Méndez, J.G.<sup>1</sup>, Jiménez-Guillen D.<sup>2</sup>, Pérez-Pascual, D.<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Academia de Ingeniería Biotecnológica. Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Palenque-Instituto Politécnico Nacional. Carretera Palenque-Pakal-Na, Centro. C.P. 29960, Palenque, Chiapas. <sup>2</sup>Facultad Maya de Estudios Agropecuarios. Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México. \*daniel.pascual@unach.mx; daperezp@ipn.mx

La guanábana (*Annona muricata* L.) es una de las especies de anonáceas más cultivada en México. Nayarit, Colima, Michoacán son los principales estados productores a nivel nacional. La guanábana es importante en la dieta humana por sus aportes nutricionales y posee propiedades anticancerígenas. En la industria alimentaria se utiliza para elaborar helados, refrescos, yogurt y vino. Este cultivo se ve limitada debido a enfermedades fúngicas como: pudrición de raíces causada por *Phytophthora* sp., secamiento de ramas por *Diplodia* sp., mancha de las hojas por *Scolecotrichum* sp., y antracnosis causadas por *Colletotrichum*. La antracnosis es la enfermedad de mayor importancia económica en *A. muricata*, dado que está presente todo el año, reduce la lámina foliar, provoca pérdida de inflorescencias, necrosamiento de frutos y es altamente infectiva en condiciones de humedad relativa alta ( $\geq 90\%$ ) y en periodos de precipitación. En el sur del país se ha promovido el cultivo de esta fruta, mediante el programa "Sembrando Vida", tal es el caso del municipio de Palenque Chiapas, donde se ha incrementado la producción en los últimos dos años (3,429 plantas). La producción de este frutal al igual que la mayoría de los cultivos agrícolas, se está viendo amenazada debido a la presencia de plagas y enfermedades. Se ha detectado sintomatologías muy similares a la antracnosis. Para el control de la enfermedad se requiere conocer bien la sintomatología y las características del agente causal. En este estudio tuvo como objetivo principal identificar molecularmente la presencia e incidencia de *Colletotrichum* spp. en cultivos de guanábana en el municipio de Palenque. El diagnóstico molecular fue realizado mediante PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa), utilizando cebadores para la región transcrita interna (ITS) del ADN ribosomal y tres tipos de tejidos hojas, flores y frutos. Los resultados de PCR utilizando la combinación de los cebadores ITS1 y ITS4 para *C. gloeosporioides* generó el amplicón del tamaño esperado, corroborando la presencia de este agente causal, en los cultivos analizados.

TC 02

## **DETECCIÓN MOLECULAR DE TRANSGENES EN CULTIVOS DE MAÍZ Y MIEL PRODUCIDA EN EL MUNICIPIO DE PALENQUE, CHIAPAS**

Pech-Uc R.A.<sup>1</sup>, Hernández-Méndez J.G.<sup>1</sup>, Jiménez-Guillen D.<sup>2</sup>,  
Pérez-Pascual D.<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Academia de Ingeniería Biotecnológica. Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Palenque-Instituto Politécnico Nacional, Carretera Palenque-Pakal-Na, Centro. C.P. 29960, Palenque, Chiapas. <sup>2</sup>Facultad Maya de Estudios Agropecuarios. Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México. \*daniel.pascual@unach.mx; daperezp@ipn.mx

La simbra de maíz y la producción local de miel de abeja son actividades de gran importancia económica para la región XIII Maya de Chiapas a la cual pertenece el municipio de Palenque. Productores maíz (entre ellos; choles, tzeltales) todavía conservan sus semillas locales, sin embargo, otros han optado por cultivar maíz híbrido, este último por los rendimientos más altos que ofrece, pero implica la pérdida de diversidad genética y del conocimiento sobre las variedades locales. En caso de la miel que se produce en los Ejidos (Porvenir, agua blanca serranía, Alfonso coronal del rosal y barrio 5 de mayo), es de excelente calidad con una proyección de dos toneladas de acopio de miel al año, donde los apicultores no sólo limitan su actividad al manejo de colmenas y cosecha de miel, también realizan un fuerte trabajo para preservar a las abejas, realizar prácticas agroecológicas y alimentación de las abejas en tiempo de escasez de flores. No hay reportes sobre la presencia de maíz transgénicos o contaminación de secuencias transgénicas en cultivos de maíz o miel producida. Por lo que es de vital importancia poder determinar si la región está libre de transgénicos y plantear un programa de monitoreo para preservar y conservar la diversidad del maíz criollo y evitar producir miel contaminada con polen transgénico. Debido a lo anterior, en la presente investigación se realizó el muestreo y detección molecular mediante la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) utilizando cebadores específicos hacia la región del promotor constitutivo del virus del mosaico de la coliflor 35S (CAMV35), gen cry1Ab (Mons810), gen cry1Ab proveniente de la bacteria *Bacillus thuringiensis* (BT11). Hasta el momento hemos colectado el material en diferentes sitios (Ejidos Palenque, Porvenir, agua blanca serranía, Alfonso coronal del rosal y barrio 5 de mayo) y se ha logrado establecer la metodología para detección por PCR directa de tejido con una alta eficiencia.

TC 03

## **IDENTIFICACIÓN Y SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE GUANABANA *Annona muricata* L. CON ALTO VALOR AGROINDUSTRIAL**

Jiménez Pérez L.Y.<sup>1</sup>, Jiménez-Guillen D.<sup>1</sup>, Hernández-Méndez J.G.<sup>2</sup>,  
Pérez-Pascual D<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Academia de Ingeniería Agroindustrial. Facultad Maya de Estudios Agropecuarios, Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México. <sup>2</sup>Academia de Ingeniería Biotecnológica. Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Palenque-Instituto Politécnico Nacional.

Carretera Palenque-Pakal-Na, Centro. C.P. 29960, Palenque, Chiapas.

\*daniel.pascual@unach.mx; daperezp@ipn.mx

La guanábana (*Annona muricata* L.) es una fruta tropical con gran potencial económico, dado su valor comercial y la demanda en el mercado exterior, la pulpa contiene alcaloides y acetogeninas que muestran actividad antihelmíntica y anticancerígena. Por ello, representa una opción como alimento, ya que puede aportar beneficios a la salud humana, además de que tiene gran potencial para su industrialización y desarrollo de diversos productos alimenticios. A pesar de su importancia, permanece como un árbol subutilizado debido a la falta de variedades comerciales, estrategias de conservación y caracterización genética del germoplasma disponible. La mayoría de las plantaciones establecidas en México están constituidas por árboles propagados por semilla, lo cual genera frutos con mucha variación en forma y tamaño. Esta característica sugiere que puede existir recurso genético que se puede aprovechar, para la selección de genotipos superiores a través de la caracterización, uso y conservación. Por tal motivo, esta investigación tuvo como objetivo analizar las características morfológicas y fisicoquímicas de frutos de genotipos de guanábana, con el fin de seleccionar y clonar este material genético encontrado en la región de Catazajá y Palenque Chiapas. Como resultado hemos encontrado variación en tamaño (18-34 cm de largo), forma (acorazonado, ovoide) y peso de los frutos (1.3-5.3 kg). Los sólidos solubles totales entre 6.6-11.7°Brix, la acidez titulable promedio fue de 0.12- 0.26.y el pH de 3.2-3.8. Los resultados nos indicaron que existe material vegetal de guanábana criolla en la región con características sobresaliente para la agroindustria.

TC 04

## **BIOMONITOREO DEL DAÑO GENOTÓXICO EN POBLACIONES LABORALMENTE EXPUESTAS A PLAGUICIDAS EMPLEANDO EL ENSAYO COMETA**

Valencia-Quintana R.<sup>1</sup>, Rugerio-García C.R.<sup>2</sup>, Flores-García Y.<sup>2</sup>, Salmorán Rosas A.<sup>2</sup>, Salvador-Muñoz A.<sup>1</sup>, Sánchez-Alarcón J.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Red Temática de Toxicología de Plaguicidas, CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223.

<sup>2</sup>Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P. 90120. \*xcarechava@hotmail.com

El ensayo cometa alcalino, o electroforesis unicelular en gel, es uno de los métodos más populares para evaluar el daño del ADN. Tiene la ventaja de ser un método rápido, sensible y relativamente económico, cualidades que lo hacen muy adecuado para biomonitorio ambiental y seguimiento de poblaciones humanas, para estudiar el efecto de la exposición a mutágenos ocupacionales o ambientales. El daño en el ADN detectado por la versión alcalina del ensayo incluye roturas de una y dos cadenas y sitios álcali-lábiles. La presencia de este tipo de alteraciones, o su reparación inadecuada, es un factor bien conocido en la etiología del cáncer y otras enfermedades no transmisibles y, por lo tanto, en teoría, el ensayo puede usarse, para detectar daños genéticos tempranos que indican el riesgo de enfermedades futuras. Por otra parte, se ha encontrado un mayor daño al ADN en poblaciones humanas expuestas a plaguicidas, aunque en algunos casos con resultados controversiales. En México, una de las actividades económicas más relevantes es la agricultura. A los cultivos se les aplica una gran cantidad y variedad de plaguicidas, por lo que la población está en constante riesgo por exposición tanto laboral como ambiental. Este estudio tuvo como objetivo evaluar si los plaguicidas son un factor de riesgo de daño genético en trabajadores agrícolas, utilizando el ensayo cometa alcalino. Participaron cuarenta y seis residentes (25 trabajadores y 21 testigos). Los resultados incluyeron factores de confusión (consumo de alcohol, hábito de fumar, sexo, edad, IMC, etc.) que no mostraron una diferencia estadística significativa entre los dos grupos. Parece que las medidas de control, el manejo seguro de los plaguicidas y los estándares de calidad exigidos por los productores para que sus productos puedan ser exportados, han resultado en menor daño, empero la actividad de los trabajadores. A pesar de lo encontrado en el presente estudio se requiere de una vigilancia regular de las poblaciones expuestas. El uso de equipos o medidas de protección puede reducir el

riesgo de daños, por lo que también es necesario promover su empleo y cumplir con la normativa laboral para los trabajadores agrícolas.

Agradecimientos: Este trabajo es parte del proyecto financiado por el CONAHCyT, FORDECYT-PRONACES, FOINS 2016-01 3203.

TC 05

## **CONSTRUCCIÓN DE UNA GENOTECA METAGENÓMICA DEL QUESO DE PORO ARTESANAL. Avances**

López López E.Y.<sup>1</sup>, Méndez Peñate M.C.<sup>1</sup>, Pérez Pascual D.<sup>1,2</sup>,  
Zetina Alamilla F.<sup>2</sup>, Jiménez-Guillen D.<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Academia de Ingeniería Biotecnológica. Unidad Profesional interdisciplinaria de Ingeniería Campus Palenque-Instituto Politécnico Nacional. Carretera Palenque-Pakal-Na, Centro. C.P 29960, Palenque, Chiapas, México. <sup>2</sup>Facultad Maya de Estudios Agropecuarios, Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km.4 C.P.29960, Catazajá, Chiapas, México. \*doribet.jimenez@unach.mx

Los microorganismos desempeñan papeles esenciales en la fabricación y maduración del queso. Contribuyen al desarrollo de las propiedades organolépticas de su metabolismo y variadas actividades enzimáticas, a la seguridad microbiológica a través de efectos de barrera de microflora compleja y la producción de varios compuestos antimicrobianos de bajo peso molecular. El queso de poro de Tabasco, se elabora artesanalmente con leche entera sin la adición de cultivos iniciadores, sin pasteurizar, por lo que es la fuente inicial de microorganismos en el queso y se somete a un proceso de maduración que da como resultado un queso con características sensoriales distintivas, que se asocia con la actividad bioquímica microbiana. Sin embargo, hasta el día de hoy se desconoce la microbiota que le da esas características organolépticas. Por otra parte, los productores no han podido expandir la comercialización de su producto a pesar de ser tan demandante y único en la región, porque no pasteurizan la leche y no tienen el proceso estandarizado, por lo tanto, no cumplen con las normas de calidad e inocuidad. Las tecnologías de secuenciación masiva de ADN y el análisis bioinformático metagenómico permitirá conocer la diversidad de especies, caracterizarlas taxonómicamente, funcionalmente y conocer el potencial metabólico del microbioma involucrado en el proceso de elaboración del queso que ayudará a explicar sus características sensoriales y organolépticas. Por lo tanto, el objetivo de este proyecto es la estandarización del proceso de elaboración del queso de poro y la construcción de una genoteca metagenómica del queso de poro artesanal. Como resultado se estandarizó el proceso de elaboración tomando en cuenta las buenas prácticas de manufactura e inocuidad alimentaria. Se determinaron los puntos de muestreo durante el proceso estandarizado. Por lo tanto, se realizaron los primeros muestreos para la extracción de ADN metagenómico.

TC 06

## **IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE *Phytophthora palmivora* EN PLANTACIONES DE PALMA DE ACEITE (*Elaeis guineensis*) EN LA REGIÓN XIII-MAYA, CHIAPAS. Avances**

López-Calderón D.<sup>1</sup>, López-Hernández-A.<sup>1</sup>, Pérez-Pascual D<sup>1,2\*</sup>.

<sup>1</sup>Academia de Ingeniería Biotecnológica. Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Palenque-Instituto Politécnico Nacional, Carretera Palenque-Pakal-Na, Centro. C.P. 29960, Palenque, Chiapas. <sup>2</sup>Facultad Maya de Estudios Agropecuarios. Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México. \*daperezp@ipn.mx; daniel.pascual@unach.mx

En la región XIII-Maya de Chiapas (conformada por los municipios de Benemérito de las Américas, Catazajá, La Libertad, Marqués de Comillas y Palenque) los principales cultivos son el café, maíz, frijol y palma de aceite (*Elaeis guineensis*), siendo este último, el cultivo el más importante, donde Chiapas es el primer productor a nivel nacional con 54 mil hectáreas. En la actualidad se han reportado enfermedades que afectan a los cultivos de palmas, principalmente a la palma de aceite, entre ellos se encuentra la pudrición del cogollo causado por *Phytophthora palmivora*. Esta enfermedad ha provocado pérdidas en Colombia (1960-1968) del 76% y en Indonesia pérdidas superiores al 80% en plantaciones de coco (híbrido MAWA). Esta enfermedad ha causado graves problemas en la industria palmera en América durante más de medio siglo, representando un obstáculo serio para la producción de palma de aceite en Colombia y en los países vecinos de Brasil, Costa Rica, Ecuador, Nicaragua, Panamá, Perú y Surinam. En México *P. palmivora* se encuentra ausente: plaga no registrada, sin embargo, al no tener un control en la introducción de hospederos de esta enfermedad (cacao, cítricos, cocos, papaya etc.) en la región, está latente la aparición de la enfermedad. Recientemente los productores han reportado que las plantaciones empiezan a presentar sintomatologías muy similares a las ocasionadas por *P. palmivora*, sin embargo, no se cuenta con una prueba que asegure la presencia o ausencia de esta enfermedad. Debido a lo anteriormente expuesto, este trabajo tiene como objetivo identificar molecularmente a *P. palmivora* en diferentes muestras colectadas en cultivos de palma africana de la región Maya mediante la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), utilizando cebadores específicos. Los resultados preliminares, revelaron que la sintomatología asociada a plantas enfermas se correlaciona con las características morfológicas de *Phytophthora*, el análisis por PCR nos indicará si es *P. palmivora*.

## TC 07

**ENSAYO COMETA ALCALINO PARA DETECTAR DAÑO AL ADN EN CÉLULAS DE LA RAÍZ DE *Vicia faba* INDUCIDO POR TERBUFOS**

Sánchez-Alarcón J.<sup>1</sup>, Hernández Cervantes E.<sup>2</sup>, Rodríguez-Tlatelpa L.C.<sup>2</sup>, Hernández-Atonal J.<sup>2</sup>, Montiel-González J.M.R.<sup>1</sup>, Valencia-Quintana R.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Red Temática de Toxicología de Plaguicidas, CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223.

<sup>2</sup>Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P. 90120. \*prvq2004@yahoo.com.mx

Los plaguicidas se conocen por su alta persistencia y omnipresencia en el ambiente. Su uso implica que las personas pueden estar continuamente expuestas a éstos en sus alimentos y agua potable y representan un riesgo de enfermedades a largo plazo, incluido el cáncer, así como trastornos neurológicos, reproductivos y del desarrollo, que pueden estar asociados con la genotoxicidad inducida por estos compuestos. El terbufos (fosforoditiato de S-terc-butiltiometil O,O-dietilo), es uno de los insecticidas organofosforados (OP) más utilizados. Actualmente, se aplica en cultivos de maíz, remolacha azucarera, sorgo y plátanos, para controlar insectos y nemátodos; no está registrado para uso residencial ni en aplicaciones de salud pública. La USEPA lo clasifica en la categoría de toxicidad I (alta toxicidad aguda), y en el grupo E de carcinogenicidad (evidencia de no carcinogenicidad para humanos). Sin embargo, no ha sido evaluado específicamente por la IARC. Entre los diferentes tipos de daño del ADN, las roturas de la doble cadena del ADN (DSB) son las más perjudiciales para las células y pueden provocar un proceso de carcinogénesis. Está bien documentado que los plaguicidas OP inducen estrés oxidativo y daño al ADN. Por lo anterior el propósito del presente estudio fue determinar el daño genotóxico en raíces de *Vicia faba* expuestas a terbufos empleando el ensayo cometa alcalino. Para ello, raíces de *Vicia faba*, aproximadamente de entre 5-6 cm de largo se expusieron durante 2 horas a 50, 100 y 200 mM de terbufos. Como testigos, las raíces fueron expuestas a agua destilada (negativo) y a dicromato de potasio (0.05%, positivo), bajo las mismas condiciones experimentales. Las laminillas fueron procesadas de acuerdo con la técnica ya establecida y observadas en microscopio de epifluorescencia con el software Comet Assay IV. Se analizaron 100 núcleos por concentración determinando la longitud, la intensidad y el momento de la cauda de los cometas. Los incrementos inducidos por el terbufos en estos parámetros mostraron diferencias significativas, al compararlos con el testigo negativo, lo que representa un riesgo para los organismos

expuestos. Por esta razón, se recomienda utilizar concentraciones lo más bajas posibles para evitar efectos genotóxicos en los organismos expuestos.

TC 09

**ESTRÉS OXIDANTE, DAÑO AL ADN Y CAMBIOS EN EL CICLO CELULAR INDUCIDOS POR TALIO(III) *IN VITRO***López-Lanuza A.<sup>1</sup>, Mateos-Nava R.A.<sup>2</sup>, Álvarez-Barrera L.<sup>2</sup>,  
Rodríguez-Mercado J.J.<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Posgrado en Ciencias Biológicas, Maestría. Universidad Nacional Autónoma de México, Avenida Ciudad Universitaria 3000, Coyoacán, 04510, CDMX, México. <sup>2</sup>Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Campus II, Universidad Nacional Autónoma de México, Batalla 5 de Mayo S/N, Ejercito de Oriente, Iztapalapa, CP 09230, CDMX, México.

\*juserom@unam.mx

El talio (Tl) es un metal tóxico, liberado al ambiente por la industria y la combustión de combustibles fósiles. Tiene dos estados de oxidación,  $Tl^{1+}$  y  $Tl^{3+}$ , sin embargo, este último es el menos estudiado y no ha sido dilucidado sus efectos sobre la proliferación celular y su potencial genotóxico. Por lo anterior, el objetivo de este trabajo fue analizar la capacidad del tricloruro de talio ( $TlCl_3$ ) para inducir lesiones en el ADN relacionadas con estrés oxidante y su repercusión sobre el ciclo celular en linfocitos humanos *in vitro*. Se obtuvieron linfocitos humanos de sangre periférica y se cultivaron con 0.1, 0.5, 1, 5, 10 y 50  $\mu g/mL$  de  $TlCl_3$ . En cultivos tratados durante 24, 48 y 72 h se evaluó el ciclo celular por contenido de ADN y citometría de flujo. En cultivos tratados durante 1 o 3 h, se determinó la generación de especies reactivas de oxígeno y nitrógeno con el reactivo dihidrorodamina 123 (DHR123) y citometría de flujo. Al mismo tiempo, con ayuda de la electroforesis unicelular en gel se estimó el daño en el ADN con y sin formamidopirimidin-ADN glicosilasa, endonucleasa que escinde pirimidinas oxidadas. En todos los experimentos se determinó la viabilidad celular por tinción con naranja de acridina y bromuro de etidio. Los tratamientos con el compuesto de  $Tl^{3+}$ , en las concentraciones altas reduce la viabilidad celular y en varias concentraciones incrementa el porcentaje de células en fase de G1; además, incrementan la oxidación de la DHR123 y aumentan la intensidad de la cauda de los cometas evaluados con el sistema de imágenes "Comet Assay" IV. Los análisis de los resultados indican que el  $TlCl_3$  puede inducir estrés oxidante en linfocitos humanos tratados *in vitro* y producir daño al ADN por oxidación de bases, lo que conduce al arresto del ciclo celular en la fase previa a la replicación.

Financiamiento: DGAPA-PAPIIT No. IN229220, UNAM.

TC 10

## MECANISMO DE DETECCIÓN DEL DAÑO AL ADN INDUCIDO POR VANADIO (III)

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

Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Campus II, Universidad Nacional Autónoma de México, Batalla 5 de Mayo S/N, Ejercito de Oriente, Iztapalapa, CP 09230, CDMX, México. \*juserom@unam.mx

El vanadio es un metal que se libera a la atmósfera durante la combustión y entre los compuestos se forman óxidos como el trióxido de vanadio ( $V_2O_3$ ). Este óxido ingresa al cuerpo por inhalación de partículas suspendidas en el aire, dentro del organismo se transporta en el torrente sanguíneo unido a la transferrina y albúmina hacia los tejidos y órganos. Su entrada a la célula es principalmente por fagocitosis y se localiza principalmente en el núcleo y la mitocondria, así puede interactuar con las biomoléculas. Se ha demostrado *in vitro* que este compuesto induce rompimientos en la cadena de ADN, daño en los cromosomas y bioquímicamente promueve la formación del radical hidroxilo ( $\cdot OH$ ). Por lo que resulta interesante conocer qué sensores de daño se activan y confirmar si el  $V_2O_3$  provoca oxidación del material genético. Para hacer posible esto se aislaron linfocitos humanos y se dejaron en medio de cultivo por 24 h, posteriormente se dieron tratamientos con 2, 4, 8 o 16  $\mu g/mL$  de  $V_2O_3$  durante 2 o 24 h. Las células tratadas por 2 h se emplearon para estimar el daño al ADN con la metodología de electroforesis unicelular en gel en combinación con la enzima formamidopirimidin-ADN glicosilasa (Fpg); la medición de la migración del ADN se usó como parámetro de daño. Las células expuestas por 24 h se emplearon para medir los niveles de expresión de ATM y ATR, para esto las células fueron lisadas y las proteínas fueron separadas mediante electroforesis en geles de poliacrilamida, después se transfirieron a una membrana para identificar cada proteína y calcular la intensidad relativa. Los resultados muestran que el  $V_2O_3$  incrementa el daño en el ADN y el uso de la enzima Fpg revela que parte del daño es por oxidación de bases. Además, a nivel de proteína, hay aumento en los niveles de expresión de ATM y ATR, evidencia de daño en el ADN a nivel molecular. En conclusión, el  $V_2O_3$  activa los sensores de daño ATM y ATR e induce daño al ADN por estrés oxidante.

Financiamiento UNAM, DGAPA-PAPIIT clave IN210324 y IA201123.

TC 11

## CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DE CEPAS DE CIANOBACTERIAS MEXICANAS

Garduño Solórzano G.<sup>1\*</sup>, Martínez García M.<sup>1</sup>, Rivero Morales O.A.<sup>1</sup>, Miguel Solorza L.F.<sup>1</sup>, Scotta Hentschke G.<sup>2</sup>, Nutan Prasad Rout<sup>3</sup>

<sup>1</sup>FES Iztacala, UNAM, <sup>2</sup>CIIMAR, Oporto, <sup>3</sup>CIATEJ, A.C. ggs@unam.mx

Algunas cianobacterias producen aleloquímicos capaces de inhibir el crecimiento de organismos fotosintéticos y pueden utilizarse como herbicidas en la agricultura. Este trabajo determina morfológica y molecularmente algunas cepas de cianobacterias del centro del país con fines biotecnológicos. Se obtuvieron siete cepas de cianobacterias del Río La Primavera y Los Hervores, Jalisco; Nevado de Toluca, lago de Texcoco y Teotihuacán, Estado de México. Para los aislamientos se utilizó el medio BG11, BG11o, Zarrouk y Bold 3N modificado con 0.1 µg de cicloheximida. Para delimitar los caracteres morfológicos se apoyó en microscopía óptica, mientras las secuencias de la región intergenérica 16S-23S (750pb), obtenidas se utilizaron para el análisis *in silico*. Los alineamientos se realizaron usando BioEdit. Finalmente, la construcción de los árboles filogenéticos se formó con Mega 11. Las cepas determinadas polifásicamente fueron: *Anabaena oryzae*, *Laspinema thermale*, *Leptolyngbya laminosa*, *Microcoleus autumnalis*, *Microchaete cf tenera*, *Nostoc sphaeroides*, *Ramsaria avicenna*, *Synechococcus elongatus* y un nuevo taxón del complejo Nostocoide. En tres cepas se analizó sus curvas de crecimiento, para *A. oryzae* y *N. sphaeroides* en 18 días no se alcanzó la fase estacionaria. Mientras, para *S. elongatus* en cinco días se observó dicha fase. *Laspinema thermale* y *Ramsaria avicennae* corresponden a nuevos registros para el país; ambas de ambientes extremos con temperatura de 55 a 70°C. Así como el hallazgo de un nuevo taxón del complejo Nostocoide.

TC 12

**EFFECTOS CITOGENÉTICOS DEL EXTRACTO ACUOSO DE  
*Lysimachia arvensis* (L.) U. MANNS & ANDERB. SOBRE CÉLULAS  
MERISTEMÁTICAS DE *Vicia faba***

Flores Maya S.<sup>1</sup>, Martínez-García M.<sup>1</sup>, Alarcón Herrera N.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Unidad de Biotecnología y Prototipos,  
UNAM. Av. de los Barrios 1, Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, Edo. México, C.P. 54090.

<sup>2</sup>Instituto de Ciencias de la Atmósfera y Cambio climático.  
marmartinezgar@hotmail.com

*Lysimachia arvensis* es una herbácea ruderal con usos ornamental y medicinal. Presenta capacidad anticancerígena, aunque puede ser tóxica en exceso. En América del sur se reportó la actividad antifúngica de esta especie por saponinas hemolíticas. En nuestras investigaciones establecimos que, poblaciones silvestres mexicanas contienen compuestos bioactivos contra *C. albicans*, *E. coli* y *S. epidermidis*. Sin embargo, no se tienen reportes que aborden el aspecto del daño genético. El objetivo fue evaluar los efectos de daño genético provocado por los componentes químicos de un extracto acuoso de *L. arvensis*, usando la prueba de micronúcleos en células meristemáticas de *Vicia faba*. *L. arvensis* se recolectó en Guanajuato, México se depositó en el Herbario, 46193-IZTA. De la planta seca y molida, se realizó la extracción etanólica, y posteriormente se obtuvo el extracto seco. Para este trabajo se usaron semillas certificadas de *V. faba*, las cuales se germinaron a 22°C por cinco días. Para los ensayos de micronúcleos, se formaron cuatro grupos con diferentes concentraciones del extracto acuoso: 10, 15, 20 y 25 µg/mL respectivamente. Como testigo negativo se usaron plántulas suspendidas en agua destilada. A las 24, 48 y 72 h de tratamiento con el extracto acuoso y el testigo, se cortaron cinco raíces primarias a un cm de la zona meristemática, se fijaron con solución Farmer, se hidrolizaron con HCl 1 N por 60 °C, 5 min. Se cortaron 2 mm de la zona meristemática y se maceraron con ácido acético 45% sobre un portaobjetos, se tiñeron con aceto-orceína 1%. Se realizó un aplastamiento en monocapa y se observó al microscopio. Se calculó la frecuencia de micronúcleos y el índice mitótico. Los resultados mostraron que los extractos acuosos redujeron significativamente la división celular de las raíces de *V. faba* (%IM). Especialmente, los valores del %IM de 10 µg/mL 24 horas, 20 µg/mL 72 horas y de 25 µg/mL 72 horas son significativamente los más bajos. La reducción en el %IM (número de células en división) mostró que las sustancias del extracto acuoso tienen efectos citotóxicos. Algunos glucósidos de *L. arvensis* podrían ser los causantes de la presencia significativa de micronúcleos en las células de *Vicia faba*.

TC 13

## **DAÑO EN EL ADN INDUCIDO POR CLORURO DE TALIO(III) Y CLORURO DE INDIO(III) EN CÉLULAS DE SANGRE PERIFÉRICA DE RATÓN CD-1**

Viscaya Santillán A.A., Álvarez-Barrera L., Mateos Nava R.A.,  
Rodríguez-Mercado J.J.\*

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

En la familia IIIA de la tabla periódica de los elementos químicos se encuentran el indio (In) y el talio (Tl). Son dos metales que debido a sus amplios usos se liberan al ambiente y son considerados contaminantes prioritarios. El uso del In ha aumentado debido a la fabricación de pantallas LCD y otras tecnologías, mientras que el Tl se libera a la atmósfera por actividades industriales que utilizan carbón como combustible o en la fabricación de cemento, entre otras. Ambos poseen el estado de oxidación I y III, de este último hay datos limitados de sus efectos mutagénicos y genotóxicos. Por lo anterior, el objetivo fue evaluar el daño inducido al ADN en los leucocitos de sangre periférica de ratón CD-1, posterior a la administración aguda de cloruro de indio (III) ( $\text{InCl}_3$ ) o de cloruro de talio (III) ( $\text{TlCl}_3$ ). Las dosis administradas fueron 1/8, 1/4 y 1/2 de la dosis letal 50 de cada compuesto: 0.625, 1.25 y 2.5 mg/Kg para el  $\text{InCl}_3$  y 4.56, 9.122 y 18.24 mg/Kg para el  $\text{TlCl}_3$ . Los ratones fueron tratados vía intraperitoneal y se tomaron muestras de sangre de la cola antes (0 h) y 1, 3, 6, 24, 48 y 72 h después de administrar el compuesto metálico. Se evaluó la viabilidad celular con una tinción dual de fluorocromos y el daño al ADN usando la técnica de electroforesis unicelular en gel. En cuanto a los resultados, la viabilidad se redujo únicamente a las 6 y 24 h en 1/2 de la  $\text{DL}_{50}$  de  $\text{TlCl}_3$ . En los tratamientos con  $\text{InCl}_3$  y de  $\text{TlCl}_3$  se incrementó la longitud del cometa de manera dosis-dependiente, además el índice de migración mostró que la mayor inducción de daño al ADN se produce a las 24 h en todas las dosis. Finalmente, los resultados aportan evidencia de que tanto el In como el Tl en estado de oxidación III inducen efecto genotóxico *in vivo* en concentraciones no citotóxicas.

Financiamiento UNAM, DGAPA-PAPIIT clave IN229220 y IA201123.

TC 14

**EVALUACIÓN DE LA GENOTOXICIDAD DE LA SEMILLA DEL TOLOACHE (*Datura stramonium* L.) POR MEDIO DEL ENSAYO DE MUTACIÓN Y RECOMBINACIÓN SOMÁTICAS (SMART) EN ALAS DE *Drosophila melanogaster***

Núñez-Ledezma D.<sup>1</sup>, Castañeda-Sortibrán A.N.<sup>1,\*</sup>,  
Carballo-Ontiveros M.A.<sup>1</sup>

Facultad de Ciencias, UNAM. Investigación Científica, C.U., Alcaldía Coyoacán, C.P.  
04510. CDMX, México. \*nitxin@ciencias.unam.mx

La medicina tradicional es el conjunto de prácticas preventivas, diagnósticas, terapéuticas y de evaluación que reúnen y expresan los conocimientos, la sabiduría y los valores que reconocen en sus tradiciones y en el proceso cultural de México, con más de 3,000 especies de plantas medicinales registradas, de las cuales sólo el 5% de ellas se han estudiado extensamente. La especie *Datura stramonium* L., popularmente conocida como toloache, es una de las plantas más utilizadas dentro de la medicina tradicional mexicana por sus efectos analgésicos para tratar dolores crónicos y agudos. En este estudio, se evaluó el potencial genotóxico de una decocción realizada con las semillas de esta planta, que son la parte con la mayor concentración de sus compuestos activos, por medio del Ensayo de Mutación y Recombinación Somáticas (SMART) en células de las alas de *Drosophila melanogaster*, que tiene como fundamento detectar la pérdida de la heterocigosis utilizando marcadores recesivos (*flr<sup>3</sup>* y *mwh*) que se expresan al nivel de los tricomas en la superficie de las alas de las moscas. Esta prueba emplea las cruces estándar y de alta bioactivación, aplicada esta última para determinar si la decocción de semillas es dependiente de una activación metabólica para revelar su potencial genotóxico, donde se ensayaron cuatro diferentes concentraciones (3, 6, 12 y 24%) de la decocción de semillas. Asimismo, se realizó un cotratamiento, donde se administró a las moscas de manera simultánea la decocción de semillas a la concentración más alta junto con un compuesto mutagénico, para establecer la existencia de un posible efecto antigenotóxico. Los resultados obtenidos permitieron concluir que la decocción de semillas de toloache presenta un efecto genotóxico en todas las concentraciones utilizadas y no es antigenotóxica en ambas cruces. Además, se determinó que no se requiere de una activación metabólica para mostrar su genotoxicidad. Este estudio se efectuó con el objeto de complementar y actualizar la información que se tiene acerca de la herbolaria mexicana y así facilitar la toma de decisiones sobre el uso de la medicina alternativa.

TC 15

## ÁREAS PARA LA CONSERVACIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS DE *Pinus lawsonii* ROEZL EX GORDON

Flores A.<sup>1\*</sup>, Pineda Ojeda T.<sup>2</sup>, Buendía Rodríguez E.<sup>2</sup>, Flores Ayala E.<sup>2</sup>,  
Méndez González J.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP)-CENID-COMEF. Progreso 5, Alcaldía Coyoacán, CP. 04010, CDMX, México. <sup>2</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. CIR-Centro. CEVAMEX. Km. 13.5 Carr. Los Reyes-Textcoco, Coatlinchán, Textcoco, Estado de México. C. P. 56250. México. <sup>3</sup>Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Departamento Forestal. Calle Antonio Narro 1923, Buenavista, 25315. Saltillo, Coahuila, México.

\* flores.andres@inifap.gob.mx

*Pinus lawsonii* Roezl ex Gordon es uno de los pinos que conforman la gran diversidad de este género en México. Sus poblaciones se encuentran en el Eje Volcánico de este a oeste y al sur de la Sierra Madre del Sur. Los árboles crecen en áreas montañosas con precipitaciones anuales de 600 a 1 500 mm., en un rango de altitud de 1 300 a 2 500 msnm. El objetivo de este trabajo fue identificar áreas prioritarias para el establecimiento de unidades de conservación genética (UCG) de *P. lawsonii*. Para ello, se definió su rango de distribución natural en las zonas de movimiento de germoplasma (ZMG) definidas previamente por la Comisión Nacional Forestal (CONAFOR), como una aproximación a zonas genéticas. Las zonas con menos de 20 árboles fueron excluidas. Durante la determinación de las UCG se consideraron seis criterios de selección basados en el tamaño de la población, el tipo de gestión, el monitoreo y el régimen de propiedad. Se identificaron siete zonas genéticas (X.2, X.3, XII.1, XII.2, XII.3, XII.4 y XII.5) en las que la especie estuvo presente y se satisficieron los criterios para el establecimiento de UCG (una por ZMG). Las unidades seleccionadas proceden de áreas semilleras o poblaciones de bosques naturales, ya que ninguna de ellas contó con información genética existente (caracterización molecular o ensayos genéticos). Se espera que las UCG determinadas ayudarán a conservar *in situ* los recursos genéticos de esta especie para su uso y aprovechamiento futuro en programas de gestión forestal.

TC 16

**COMPARACIÓN DEL EFECTO RADIOSENSIBILIZADOR DE DOSIS BAJAS DE BRDU Y CIS-PT, MEDIANTE EL ANÁLISIS GENOTOXICOCINÉTICO Y CITOTOXICOCINÉTICO, EN CÉLULAS DE LA MÉDULA ÓSEA DE RATONES *IN VIVO***

Cruz Vallejo V.L.<sup>1</sup>, Morales y Ramírez P.<sup>1\*</sup>, Ortiz-Muñiz A.R.<sup>2</sup>,  
Cervantes Ríos E.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, Departamento de Biología.

<sup>2</sup>Laboratorio de Citometría de Flujo. Universidad Autónoma Metropolitana. Unidad Iztapalapa, mordep1@yahoo.com.mx

El objetivo fue comparar mediante el análisis genotoxicocinético y citotoxicocinético el efecto radiosensibilizador producido por dosis bajas de BrdU y de cis-Pt, en células de la médula ósea de ratones *in vivo*. La comparación se hizo determinando las cinéticas de formación de reticulocitos micronucleados (RET-MN) y de reducción de reticulocitos (RET) mediante citometría de flujo. Para lo cual se pretrató a los ratones con BrdU (0.125 mg/g) o cis-Pt (1 $\mu$ mol/Kg), se irradiaron con 0.5 Gy y se tomaron muestras de sangre periférica antes de los tratamientos (testigo) y después cada 8 h hasta completar 72 h después de la irradiación. Se estableció el número de picos de inducción de RET-MN, y el tiempo al que ocurren, mismos que indican el número de mecanismos de genotoxicidad producidos con los tratamientos. En las células sustituidas con BrdU e irradiadas, se observó un incremento en la inducción de RET-MN cuantificado mediante el ABC en el tercer pico. El pretratamiento con BrdU parece favorecer la producción de una lesión radioinducida o el incremento del número de lesiones difíciles de reparar; además la BrdU mostró un efecto sinérgico en términos de citotoxicidad. En el caso del cis-Pt, se observó un incremento en la inducción de RET-MN cuantificado mediante el ABC en el tercer pico. En cuanto a la citotoxicidad, ésta mostró efecto sinérgico. Se puede concluir que la radiación aumenta su efecto en el ADN que tiene incorporado BrdU o que se encuentra modificado con cis-Pt. Este efecto se manifestó en el tercer pico con ambos agentes, en el caso de la BrdU con índice de radiosensibilización de 1.75 y con cisPt de 1.6, lo que indicaría que ambos agentes tienen efecto radiosensibilizador similar en sus consecuencias genotóxicas. Es posible que los enlaces cruzados podrían ser las lesiones que están produciendo el efecto sinérgico en ambos casos. En términos de citotoxicidad la BrdU mostró un efecto radiosensibilizador más evidente, en comparación con el cis-Pt, siendo el índice de radiosensibilización de 2.6 para el caso de la BrdU y de 1.4 para el cis-Pt.

TC 17

**SELECCIÓN DE VARIEDADES DE *Zea mays* CRIOLLO Y *Sorghum* spp. PARA LA OBTENCIÓN DE FORRAJE VERDE HIDROPÓNICO.  
Avances**

Reyes-Gutiérrez A., Martínez-Valdez M.G., Pérez-Pascual D.\*

Academia de Ingeniero Agrónomo. Facultad Maya de Estudios Agropecuarios,  
Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980,  
Catazajá, Chiapas, México. \*daniel.pascual@unach.mx

La ganadería extensiva e intensiva enfrentan desafíos asociados al cambio climático, baja fertilidad de los suelos, dependencia de insumos externos (silo, alimentos comerciales), incidencia de enfermedades, sistemas organizativos y de comercialización deficiente, baja rentabilidad, este escenario demanda la reorientación de estos sistemas hacia formas de producción sustentables; que mejoren y optimicen los procesos de producción, promuevan la conservación de los recursos, la viabilidad y solvencia económica, mercados justos, entre otros. Una de las alternativas para la alimentación en la actividad ganadera es la producción de Forraje Verde Hidropónico (FVH) que ha venido revolucionando en los últimos años sin necesidad de grandes extensiones de terreno para su producción. El FVH representa una alternativa de producción para la alimentación de borregos, novillos, vacas en ordeña, y especialmente útil durante períodos de estiaje y escasez de pasturas. Existe una gran variedad de semillas tanto de gramíneas (maíz, cebada, avena, trigo, sorgo) y de leguminosas (alfalfa) que se utilizan para la producción de FVH, cada una de ellas contiene un valor nutritivo y una velocidad de crecimiento distinto, en donde influye mucho la variedad, la viabilidad de la semilla, el lugar y el tipo de ambiente en donde se desarrolle. Por tal motivo este trabajo de investigación tiene como objetivo principal seleccionar y evaluar parámetros productivos del FVH de maíz criollo, y sorgo, como una alternativa para la obtención de forraje. Como resultado se ha establecido la metodología para la obtención de FVH donde se ha controlado la presencia de contaminación endógena de las semillas, se ha evaluado cinco variedades de semilla de maíz, donde se encontró una variedad criolla (Zmvc-2) con índice de germinación del 90%, con un rendimiento de  $1,183.3 \pm 62.3$  g a los 15 días, en sorgo los índices de germinación y rendimientos son muy similares en las semillas analizadas. Se espera que los resultados bromatológicos nos revelen la calidad nutricional de FVH analizados y poder seleccionar la variedad con calidad forrajera.

## TC 18

**OBTENCIÓN DE NUEVAS CEPAS DE *Schizophyllum radiatum*, POR ENTRECruzAMIENTO DE NEOHAPLONTES DE ORIGEN SILVESTRE**

López de Dios R.D.<sup>1</sup>, Rodríguez Pérez C.<sup>1\*</sup>, Carreño Ruiz S. D.<sup>2</sup>, Cappello García, S.<sup>3</sup>, Ricárdez Torres C. J.<sup>1</sup>, Arias Zapata D.A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>División Académica Multidisciplinaria de Jalpa de Méndez, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Carretera Estatal Libre Villahermosa-Comalcalco, Km. 27+000 S/N Ranchería Ribera Alta, C.P. 86205, Jalpa de Méndez, Tabasco, México. potencia\_riguez@hotmail.com. <sup>2</sup>Facultad Maya de Estudios Agropecuarios, Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México. <sup>3</sup>División Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Carretera Villahermosa-Cárdenas Km. 0.5 S/N, Ranchería Emiliano Zapata, 86150 Villahermosa, Tabasco.

En los últimos años, se ha promovido el consumo de hongos comestibles del género *Schizophyllum* en el sureste mexicano y particularmente en Tabasco. Estudios previos constatan el establecimiento de los primeros protocolos para la producción de estas especies en condiciones tropicales, así como sus beneficios nutritivos y medicinales y su potencial biotecnológico. No obstante, los cuerpos fructíferos cultivados de este género presentan gran variación fenotípica de formas, coloraciones y tamaños, siendo importante el mejoramiento genético de cepas de este género con la finalidad de identificar aquellas que sean capaces de producir cuerpos fructíferos con características óptimas para su producción y aceptación comercial. En este trabajo se estableció un protocolo para obtener nuevas cepas de *Schizophyllum radiatum* a escala de laboratorio, mediante el entrecruzamiento de neohaplontes de cepas de origen silvestre. Se colectaron cuerpos fructíferos de *Schizophyllum* de Tabasco y Chiapas, corroborando su identificación taxonómica a fin de aislar dos cepas de *S. radiatum* (FMEA-005 y FMEA-007). A partir de dichas cepas, se produjeron y seleccionaron cuerpos fructíferos frescos, los cuales se introdujeron en cajas de Petri con el medio de cultivo Papa Dextrosa Agar (PDA) con colorante vegetal, colocándose los mismos en la tapa de las cajas, con el himenio expuesto hacia el medio de cultivo. Una vez introducidos, las cajas se inclinaron a 45° a fin de obtener la precipitación de esporas en el medio y con ello, la recuperación de neohaplontes de las cepas. Dichos neohaplontes se hicieron crecer en PDA para su posterior corroboración microscópica. En total se obtuvieron siete neohaplontes de la cepa FMEA-007 y 3 neohaplontes de la cepa FMEA-005. Seguidamente, los neohaplontes de ambas cepas se entrecruzaron entre sí, obteniéndose un total de 21 entrecruzamientos, de los cuales, 20 son cruza compatibles. De esta manera se obtuvieron 20 cepas nuevas de *S. radiatum* logrando determinar la viabilidad del protocolo de

obtención de los neohaplontes. Con la validación de las técnicas empleadas en este trabajo, se podrá apoyar futuros programas de mejoramiento de cepas, particularmente de las especies del género *Schizophyllum* en el sureste mexicano.

TC 19

## **REGENERACIÓN *IN VITRO* DE PASTURAS *Brachiaria humidicola* Y *Brachiaria brizantha* COMO BASE PARA SU MEJORAMIENTO GENÉTICO**

Martínez-López R.<sup>1,2</sup>, Pérez-Pascual D.<sup>1\*</sup>, Godoy-Hernández G.<sup>3</sup>,  
Zúñiga-Aguilar J.J.<sup>2</sup>, Jiménez-Guillén D<sup>1\*</sup>.

<sup>1</sup>Tecnológico Nacional de México Campus de los Ríos. Km 3, carretera Villahermosa, Balancán 86930, Tabasco. <sup>2</sup>Facultad Maya de Estudios Agropecuarios. Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México. <sup>3</sup>Centro de Investigación Científica de Yucatán. Unidad de Bioquímica y Biología Molecular de Plantas, Mérida, Yucatán, México.  
\*doribet.jimenez@unach.mx, \*daniel.pascual@unach.mx

Los estados de Tabasco y Chiapas se consideran zonas con importante actividad ganadera, sin embargo, esta actividad ha sido afectada intensamente por efectos de sequías e inundaciones. El estado de Tabasco tiene condiciones propicias para la ganadería tropical, y alrededor del 67% de su territorio se utiliza para este fin. Chiapas contribuye con el 6,3% de la producción nacional de ganado bovino y ocupa el tercer lugar con una producción 217,395 toneladas de carne. Debido a la baja calidad de las gramíneas forrajeras, se tiene la necesidad de ofrecer suplemento a los bovinos, principalmente en la época de seca, dentro de los cuales destacan ensilado de maíz, concentrados basados en cereales, el uso de leguminosas como alfalfa o subproductos agroindustriales, entre otros, generando gastos económicos al productor. *Brachiaria brizantha* y *Brachiaria humidicola* son pasturas frecuentemente utilizadas por los ganaderos en la zona. *Brachiaria brizantha* tiene alto contenido proteico, lo que lo hace una pastura valiosa para la nutrición del ganado vacuno, sin embargo, tiene baja adaptación a suelos mal drenados y baja tolerancia a la sequía. Por otra parte, *Brachiaria humidicola* se adapta bien en diferentes tipos de suelo, desde fértiles hasta ácidos, pobres, y terrenos mal drenados, pero cuenta con baja digestibilidad y calidad nutritiva. El mejoramiento genético de ambas pasturas donde se combinen ambos atributos sería de suma importancia para la ganadería tropical, para dicho fin, es importante contar con un método de regeneración *in vitro* eficiente. El objetivo de este trabajo de investigación fue el establecimiento de un método de regeneración *in vitro* y caracterización morfohistológica de la ontogenia de *B. humidicola* y *B. brizantha*. Como resultado se obtuvo la formación de callos friables y embriones somáticos a partir de segmentos nodales en medio MS (Murashige Skoog) sólido a la mitad de su fuerza iónica en presencia de 2,4-D (0.5 mg/L) y 6-BA (0.05 mg/L y 1mg/L) los análisis de histología

nos revelaron que el origen de los embriones somáticos es indirecto a partir de células del callo provenientes del tejido vascular.

TC 20

## DETECCIÓN MOLECULAR DE ANAPLASMOSIS EN HATOS GANADEROS DE PALENQUE, CHIAPAS. Avances

Puerto-Pérez G.A.<sup>1</sup>, Rodríguez-Herrera A.K.<sup>1</sup>, Portilla-Montero M.E.<sup>2</sup>,  
Pérez-Pascual D<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Academia de Ingeniería Biotecnológica, Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Palenque-Instituto Politécnico Nacional, Carretera Palenque-Pakal-Na, Centro. C.P. 29960, Palenque, Chiapas. <sup>2</sup>Academia de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Facultad Maya de Estudios Agropecuarios. Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México.  
\*daperezp@ipn.mx; daniel.pascual@unach.mx

Las enfermedades en bovinos representan una gran pérdida monetaria en hatos de producción extensiva e intensiva, en Chiapas, las enfermedades en bovinos con mayores repercusiones son tuberculosis, brucelosis, diarrea viral bovina y anaplasmosis. La mayoría de estas patologías son zoonóticas, lo que hace su identificación, manejo y análisis sea más complejo. La anaplasmosis es una enfermedad causada por la rickettsia *Anaplasma marginale* del genogrupo II de las Ehrlichias, que parasita los eritrocitos maduros del ganado bovino. Los animales que sobreviven a la anaplasmosis bovina aguda, después de una infección primaria, permanecen persistentemente infectados de por vida, independientemente de reexposiciones a la rickettsia, sirviendo como reservorio para la transmisión de la enfermedad en el campo. Los signos característicos de la anaplasmosis son la anemia, la ictericia y la muerte súbita. Otros signos son una pérdida rápida de la producción de leche y del peso. El control de la anaplasmosis bovina requiere de una vacuna efectiva y de la identificación exacta de los animales portadores. La detección en suero de anticuerpos específicos contra *A. marginale*, se hace difícil por los métodos serológicos de rutina, por lo que contar con técnicas de mayor sensibilidad y especificidad, es una necesidad. El objetivo del presente trabajo es desarrollar un ensayo de PCR, para demostrar la presencia de *A. marginale* en muestras de bovinos en el municipio de Palenque Chiapas. Como resultados se ha logrado establecer la metodología de PCR a partir de la amplificación del gen *msp5* de una muestra positiva proveniente de Candelaria Campeche. El análisis de anaplasmosis de muestras proporcionadas por la Unión ganadera Local del municipio de Palenque, permitirá conocer la incidencia, evitar la diseminación y realizar un tratamiento más eficaz en animales sin síntomas clínicos de la enfermedad.

TC 21

## **AISLAMIENTO DE CEPAS FÚNGICAS CON CAPACIDAD DE DEGRADACIÓN DE FÁRMACOS CÍCLICOS. Avances**

Álvarez-Hernández H.A.<sup>1</sup>, Cruz-Maya J.A.<sup>2</sup>, Jan-Roblero J.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional. Manuel Carpio, Plutarco Elías Calles, Miguel Hidalgo, 11350 CDMX. <sup>2</sup>Unidad Profesional Interdisciplinaria en Ingeniería y Tecnologías Avanzadas, Instituto Politécnico Nacional. Av. Instituto Politécnico Nacional 2580, La Laguna Ticomán, Gustavo A. Madero, 07340 CDMX. [jjan\\_r@yahoo.com.mx](mailto:jjan_r@yahoo.com.mx)

Los contaminantes emergentes son sustancias químicas de gran persistencia en el medio ambiente. Los fármacos son un tipo de estos contaminantes que, al ser eliminados del cuerpo humano o animal, sin o con pocos cambios en su estructura química, llegan a los cuerpos o afluentes de agua arriesgando la flora y fauna silvestre debido a su toxicidad y limitada biodegradabilidad. Varios abordajes se han aplicado para remediar este problema y recuperar ecosistemas contaminados, uno de ellos es la biodegradación efectuada con microorganismos. El objetivo de este trabajo fue aislar e identificar cepas fúngicas con capacidad de degradar naproxeno, diclofenaco y paracetamol. De 150 mL de agua residual del Río Nexapa, Atlixco, Puebla, se obtuvieron pellets los cuales fueron cultivados en medio mineral Bushnell Haas utilizando como única fuente de carbono los fármacos bajo estudio. Se aislaron cepas fúngicas las cuales se purificaron en medio sólido para seleccionar aquellas con mayor capacidad para crecer y tolerar los fármacos. En total fueron seis cepas. Una de ellas junto con otras dos obtenidas de aguas residuales de la Clínica de Especialidades ISSSTE, Delegación Cuauhtémoc, CDMX, se probaron en su capacidad de crecimiento en medio sólido con  $1 \times 10^4$  esporas  $\text{mL}^{-1}$  para determinar el nivel de tolerancia hacia el fármaco a concentraciones de 50, 100, 200, 400, 600, 800 y 1000  $\text{mg L}^{-1}$ , así como en medio líquido con  $1 \times 10^6$  esporas  $\text{mL}^{-1}$  para definir la masa de inóculo efectiva. Se seleccionaron tres cepas para realizar cinéticas de crecimiento y de degradación de cada fármaco con una concentración inicial de 100  $\text{mg L}^{-1}$ , teniendo un total de 9 tratamientos. Se encontró que las aguas residuales de los sitios examinados presentan hongos con potencial degradador. De las cepas fúngicas aisladas, se identificaron presuntamente los microorganismos *Penicillium* sp., *Fusarium* sp. y *Sepedonium* sp. con base en su morfología macroscópica y microscópica. De éstos, *Fusarium* sp. fue el más efectivo para degradar paracetamol y diclofenaco y *Sepedonium* sp. presentó mayor capacidad degradadora para naproxeno. Próximos ensayos enzimáticos definirán las enzimas

involucradas en la degradación de los fármacos y pruebas moleculares determinarán la especie de estas cepas fúngicas.

TC 22

## **EVALUACIÓN DE LIPOPEROXIDACIÓN EN LOS FETOS DE HEMBRAS TRATADAS CON TALIO**

García-Juárez J.A., Nexpanco N.Y., Castillo-Quevedo J.P.,  
Mateos-Nava R.A., Rodríguez-Mercado J.J., Álvarez-Barrera L.\*

Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Campus II, Universidad Nacional Autónoma de México, Batalla 5 de Mayo S/N, Ejército de Oriente, Iztapalapa, CP 09230, CDMX, México. \*alvarezbarreracruz@gmail.com.

Las mujeres embarazadas son parte de la población que se encuentra expuesta de manera ocupacional y ambiental a diferentes metales, entre los que se encuentra el talio (Tl). Se conoce que cruza las barreras biológicas y se acumula en varios tejidos. Estudios epidemiológicos han asociado la concentración de Tl en sangre y orina con la disminución del peso en placenta, parto prematuro y bajo peso al nacer en la descendencia. Además, *in vitro* en células de cerebro e hígado de murinos el Tl incrementa las especies reactivas de oxígeno. Con base a lo anterior, el objetivo de este trabajo fue evaluar la formación de malondialdehído (MDA) en diferentes tejidos de los fetos obtenidos de las hembras de ratón tratadas con acetato de talio (CH<sub>3</sub>COOTl). Se formaron 4 grupos de cinco ratones hembra gestantes de la cepa CD-1. El grupo control y los grupos tratados durante la organogénesis (días 6, 8, 10, 12, 14 y 16 de gestación) vía intraperitoneal con 5.28, 6.16 y 9.25 mg/kg de CH<sub>3</sub>COOTl. Se obtuvieron los fetos en el día 18 de gestación. De las hembras y de sus fetos se tomaron muestras de sangre, hígado, cerebro, placenta y extremidades del feto, para evaluar la concentración de MDA con la técnica de sustancias reactivas al ácido tiobarbitúrico, TBARS. Las concentraciones de MDA en los grupos tratados, fetos y hembras, no mostraron diferencia significativa con respecto al grupo testigo en los tejidos evaluados. El análisis de los resultados muestra que el CH<sub>3</sub>COOTl no incrementa la peroxidación lipídica en ninguno de los tratamientos.

Financiamiento: UNAM, DGAPA-PAPIIT clave IA201123.

TC 23

## **LA PRUEBA DE MICRONÚCLEOS EN CÉLULAS DE LA MUCOSA ORAL PARA EVALUAR DAÑO GENOTÓXICO POR EXPOSICIÓN LABORAL A PLAGUICIDAS**

Valencia-Quintana R.<sup>1</sup>, Pérez-Zempoalteca Y.<sup>1</sup>, Flores-García Y.<sup>2</sup>,  
Ahuactzi-Cortes H.<sup>3</sup>, Salvador-Muñoz A.<sup>1</sup>, Sánchez-Alarcón J.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Red Temática de Toxicología de Plaguicidas, CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223.

<sup>2</sup>Licenciatura en Biología. <sup>3</sup>Maestría en Ciencias en Gestión Integral de Cuecas Hidrográficas Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P. 90120.

\*xcarechava@hotmail.com

El uso de biomarcadores como herramientas para evaluar la genotoxicidad está aumentando recientemente. Los métodos que se han utilizado anteriormente para evaluar la inestabilidad genómica suelen ser costosos, complicados e invasivos. El ensayo de micronúcleos (MN) y anomalías nucleares (AN) en células bucales ofrece una gran oportunidad para evaluar de forma clara y precisa la aparición de daño genético, ya sea que esté presente como consecuencia de un riesgo laboral o ambiental. Esta técnica es confiable, rápida, relativamente simple, barata, mínimamente invasiva para monitorear el daño genético en humanos. Los estudios sobre los efectos de la exposición a mezclas de plaguicidas, con esta prueba, han mostrado resultados controversiales, encontrando incrementos significativos de daño en algunos de éstos, pero negativos o no conclusivos en otros. Sin embargo, debido a la gran actividad agrícola en México, el uso de plaguicidas con el propósito de proteger sus cultivos es un recurso que pone en riesgo no solo a los trabajadores agrícolas sino a las poblaciones ambientalmente expuestas a estos compuestos. Por ello el propósito del presente estudio fue evaluar el daño genotóxico presentado en una población de agricultores laboralmente expuestos a mezclas de plaguicidas y compararlo con una población no expuesta de la misma comunidad empleando la prueba de micronúcleos en células de la mucosa oral. El grupo expuesto estuvo conformado por 21 hombres y 4 mujeres, el grupo testigo por 8 hombres y 13 mujeres. Todos los participantes firmaron un consentimiento informado y se contó con la aprobación del Comité de Ética del estado de Tlaxcala. Los frotis de mucosa oral se secaron al aire, se fijaron en metanol/ácido acético (3:1) y se tiñeron utilizando la técnica de reacción de Feulgen. Se determinó la frecuencia de MN y AN (yemas nucleares, células binucleadas, células con cromatina condensada, células cariorréticas, picnóticas y cariolíticas). Las diferencias encontradas entre los grupos expuesto y testigo, en las frecuencias de estos biomarcadores, no fueron estadísticamente significativas. A pesar de estos resultados, es recomendable establecer un programa periódico de biomonitoreo con el fin de identificar factores de riesgo que puedan ponerlos en riesgo.

Agradecimientos: Este trabajo es parte del proyecto financiado por el CONHACyT, FORDECYT-PRONACES, FOINS 2016-01 3203.

TC 24

**EL ENSAYO COMETA EN RATAS WISTAR COMO MODELO PARA EVALUAR EL POTENCIAL GENOTÓXICO DE PLAGUICIDAS**

Rodríguez-Tlatelpa L.C.<sup>1</sup>, Sánchez-Alarcón J.<sup>2</sup>, Salvador-Muñoz A.<sup>2</sup>,  
Flores-García Y.<sup>1</sup>, Reyes-Cerón A.<sup>3</sup>, Arenas-Sánchez H.<sup>4</sup>,  
Valencia-Quintana R.<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Licenciatura en Biología, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala.

<sup>2</sup>Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Red Temática de Toxicología de Plaguicidas, CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P.

<sup>3</sup>Instituto Nacional de Cancerología, Av. San Fernando No.22, Col. Sección 16, C.P 14080, CDMX. <sup>4</sup>Laboratorio de Bioquímica y Biología Tisular, CTBC, UATx. 90120.

\*prvq2004@yahoo.com.mx

El ensayo cometa se ha convertido en uno de los métodos más utilizados para la evaluación y medición del daño genotóxico. Es sensible, rápido y relativamente asequible para la evaluación del daño y la reparación del ADN a nivel de células individuales. Se puede aplicar a prácticamente cualquier tipo de célula derivada de diferentes órganos y tejidos. Aunque se utiliza predominantemente en células humanas, su aplicación para la evaluación del daño del ADN en células de levadura, plantas y animales también es bastante aceptada, especialmente en términos de biomonitorio. Además de numerosas especies de vertebrados, el ensayo también se realiza en una variedad de células, que incluyen sangre, hígado, riñón, cerebro, branquias, médula ósea y espermatozoides de éstos, para la evaluación de un amplio espectro de agentes genotóxicos tanto in vitro como in vivo, como lo es el caso de los plaguicidas. El uso excesivo de plaguicidas en la agricultura, ha provocado la contaminación del ambiente, ocasionando efectos desfavorables en los ecosistemas, así como en los organismos expuestos. La atrazina es uno de los herbicidas más utilizados en cultivos de maíz. Sin embargo, la información disponible sobre sus efectos genotóxicos en los organismos expuestos es escasa y contradictoria. Por ello, el objetivo del presente proyecto fue evaluar el potencial genotóxico de la atrazina, en ratas Wistar macho empleando el ensayo cometa. Ratas entre 250-300 gr fueron expuestas a 0, 50 y 100 mg de atrazina/kg de peso corporal, la cual se administró por vía oral durante 21 días. Después de los tratamientos, se sacrificaron y realizaron homogeneizados de diferentes órganos en 300 µL de PBS; 20 µL de éstos se mezclaron con 80 µL de agarosa. La mezcla fue colocada entre dos capas de agarosa y después se realizó la técnica estandarizada del ensayo cometa. Las laminillas se observaron en un microscopio de fluorescencia con el software Comet Assay IV, examinando 100 núcleos por laminilla.

Los resultados demostraron un aumento en la fragmentación del ADN en todos los órganos. Se concluye que la exposición a la atrazina ocasiona daños al ADN en células individuales de diferentes órganos de la rata Wistar.

TC 25

## **EVALUACIÓN DE LOS EFECTOS GENOTÓXICOS DE AGUAS SUPERFICIALES Y SEDIMENTOS EMPLEANDO LA PRUEBA DE MICRONÚCLEOS EN *Vicia faba***

Flores-García Y.<sup>1</sup>, Sánchez-Alarcón J.<sup>2,3</sup>, Minor-Caballero A.E.<sup>2,3</sup>,  
Rodríguez-Tlatelpa L.C.<sup>1</sup>, Ahuactzi-Cortes H.<sup>2</sup>, Gregorio-Jorge J.<sup>2,4</sup>,  
Valencia-Quintana R.<sup>2,3\*</sup>

<sup>1</sup>Licenciatura en Biología. <sup>2</sup>Maestría en Ciencias en Gestión Integral de Cuecas Hidrográficas. Facultad de Agrobiología. Universidad Autónoma de Tlaxcala. <sup>3</sup>Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Red Temática de Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua, CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P. 90120. <sup>4</sup>CONAHCyT-Comisión Nacional del Agua. Av. Insurgentes Sur 1582, Col. Crédito Constructor, Del. Benito Juárez, 03940, CDMX, México.

\*prvq2004@yahoo.com.mx

El Río Zahuapan atraviesa la entidad Tlaxcalteca de norte a sur. Como otros ríos, presenta contaminación debido a las actividades urbano-industriales. Es afectado por descargas de aguas de diversos orígenes y se estima que recibe 32.5 millones de m<sup>3</sup> de aguas negras acumulando una gran mezcla de contaminantes con potencial genotóxico. Por lo que es importante evaluar periódicamente la calidad del agua de este río para determinar la presencia de dichos agentes. En el presente trabajo se cuantificó el índice mitótico (IM) y se empleó la prueba de micronúcleos (MN) en células meristemáticas de la raíz de *Vicia faba*, como biomarcadores de citotoxicidad y genotoxicidad respectivamente. Semillas de *Vicia faba* fueron germinadas entre dos capas de algodón humedecido, cuando las radículas alcanzaron una longitud de entre 2-3 cm se expusieron durante 4 horas con 18 y 44 horas de recuperación, con aireación constante en oscuridad, a seis muestras de agua y sedimentos de diferentes sitios del río Zahuapan. Como testigos se emplearon agua destilada (negativo) y dicromato de potasio (0.05%, positivo), bajo las mismas condiciones experimentales. La frecuencia de MN se determinó analizando 1000 células interfásicas registrando la presencia de MN y el IM se obtuvo contabilizando 1000 células en mitosis e interfase. Para el análisis estadístico se emplearon ANOVA de rangos, Kruskal Wallis y la prueba de Dunnett. La frecuencia máxima de MN de los grupos expuestos con 18 horas de recuperación para agua fue de 6.83±0.19 y para sedimentos de 4.70±0.20. Con 44 horas la frecuencia máxima de MN fue de 4.27±0.23 en agua y 5.50±0.26 en sedimentos. El IM presentó un decremento con relación a los valores presentados en el testigo negativo con valores de 6.45±0.36 y 6.80±0.46 para agua y sedimentos respectivamente, con 18 horas de recuperación. Con 44 horas las frecuencias fueron de 7.80±0.28 para agua y de 10.65±1.01 para sedimentos. Las diferencias encontradas fueron estadísticamente

significativas con respecto al testigo negativo ( $P < 0.05$ ). De acuerdo con los resultados obtenidos se hace evidente que el río Zahuapan contiene compuestos con el potencial de dañar el material genético, lo que representa un riesgo para los organismos expuestos.

TC 26

## **BIOMONITOREO DEL DAÑO GENÉTICO INDUCIDO POR EL EMPLEO DE PLAGUICIDAS EN LA PRODUCCIÓN DE ALIMENTOS**

Valencia-Quintana, R.<sup>1</sup>, López-Torres, J.<sup>2</sup>, Gómez-Olivares J.L.<sup>3</sup>,  
López-Durán R.M.<sup>3</sup>, Pérez-Flores G.A.<sup>1</sup>, Sánchez-Alarcón, J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental. CA Ambiente y Genética UATLX- CA-223. Red Temática de Toxicología de Plaguicidas.

<sup>2</sup>Licenciatura en Biología. Facultad de Agrobiología Universidad Autónoma de Tlaxcala. Km 10.5 Autopista Tlaxcala-San Martín S/N. Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, C.P. 90120.

<sup>3</sup>Laboratorio de Biomembranas, División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, Ciudad de México 09340, México

\*juana.sanchez@uatx.mx

La agricultura es una de las actividades más importantes del mundo. La creciente demanda de alimentos ha provocado que el consumo y la variedad de plaguicidas se hayan incrementado dramáticamente conforme ha aumentado la población, con el propósito de aumentar la producción agrícola. Esta situación se ha acompañado del uso inadecuado de estos compuestos, lo cual tiene como resultado impactos graves tales como la contaminación del ambiente y riesgos para la salud de los seres humanos. Estudios en trabajadores expuestos a éstos han demostrado que pueden ser responsables de efectos adversos y pueden alterar la función de diferentes órganos y sistemas, incluyendo daños genéticos. Diferentes biomarcadores son útiles en individuos ocupacionalmente expuestos a agentes genotóxicos, entre los que se encuentran las aberraciones cromosómicas (AC), los micronúcleos (MN), los intercambios de cromátidas hermanas (ICH) y más recientemente el ensayo cometa. En las últimas décadas la exposición ocupacional a plaguicidas ha sido ampliamente estudiada. Sin embargo, en México, a pesar de su gran actividad agrícola, se tienen aún escasos resultados. por lo que en el presente estudio se ha evaluado el daño genético en una población laboralmente expuesta a plaguicidas durante sus actividades agrícolas, en el municipio de Venustiano Carranza en el estado de Michoacán de Ocampo, empleando el ensayo cometa alcalino. La población estudiada estuvo conformada por un grupo de 15 trabajadores y un grupo testigo de 14 individuos de la misma región no expuestos a plaguicidas. Los resultados no mostraron diferencias estadísticamente significativas en los diferentes parámetros evaluados con el software Comet Assay IV, como la longitud, la intensidad, el momento y el momento Olive de la cauda. No obstante, los resultados del presente estudio, es recomendable realizar un biomonitoreo permanente de los individuos directamente expuestas a mezclas de plaguicidas, utilizando una variedad de métodos citogenéticos, para diseñar medidas de seguridad y protocolos de

biomonitoreo apropiados para minimizar el riesgo para la salud. Se recomienda enfatizar en el uso adecuado de los productos y accesorios de protección personal, así como las correctas medidas de higiene.

Este trabajo es parte del proyecto financiado por el CONAHCyT, FORDECYT-PRONACES, FOINS 2016-01 3203.

TC 28

## **EVALUACIÓN *IN VITRO* DE LA GENOTOXICIDAD Y CITOTOXICIDAD DE TRES NANOPARTÍCULAS BASADAS EN GADOLINIO**

Álvarez-González I.<sup>1</sup>, Espinosa-García L.<sup>1</sup>, García-García J.D.<sup>1</sup>,  
García-Murillo A., Carrillo-Romo FJ., Paniagua-Pérez R.<sup>3</sup>,  
Madrigal-Bujaidar E.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Genética, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, CDMX, México. <sup>2</sup>Centro de Investigación e Innovación Tecnológica, Instituto Politécnico Nacional, CDMX, México. <sup>3</sup>Instituto Nacional de Rehabilitación "Luis Guillermo Ibarra Ibarra", CDMX, México.

\*edumadrigal.bujaidar@gmail.com

Las nanopartículas (NP) son sustancias que miden entre 1 y 100 nm y sus aplicaciones son diversas, incluyendo el área biomédica. En este sentido, el gadolinio (Gd) se usa en forma de quelato como medio de contraste en estudios de resonancia magnética, sin embargo, se han observado efectos secundarios, por lo que una alternativa para disminuir su toxicidad podría ser utilizarlo como NP y, además, doparlo y funcionalizarlo para incrementar su luminiscencia. En el presente estudio, se determinó el efecto genotóxico y citotóxico de NP de Gd<sub>2</sub>O<sub>3</sub>, Gd<sub>2</sub>O<sub>3</sub> dopado con europio (Gd<sub>2</sub>O<sub>3</sub>:Eu<sup>+3</sup>) y Gd<sub>2</sub>O<sub>3</sub>:Eu<sup>+3</sup> funcionalizado con tenoil-trifluoroacetona, mediante el ensayo de micronúcleos por bloqueo de citocinesis, en cultivo de linfocitos humanos obtenidos de tres donadores. Los grupos experimentales consistieron en el testigo negativo (solución salina), el testigo positivo (mitomicina C, 0.01 µg/mL), y tres grupos con 1 µg/mL, 10 µg/mL y 100 µg/mL de cada una de las NP. Se realizó el cultivo celular y después de 24 h se adicionaron las sustancias correspondientes, a las 44 h se incorporó citocalasina B para producir células binucleadas; finalmente, la cosecha celular se realizó a las 72 h y las laminillas fueron teñidas con colorante de Giemsa. Para determinar la genotoxicidad, en 1000 células binucleadas por concentración/donador se examinó la frecuencia de micronúcleos, así como la frecuencia de puentes nucleoplásmicos y de brotes nucleares. Para el caso de la citotoxicidad, en 500 células por concentración/donador se determinó el índice de división nuclear, la frecuencia de células necróticas y la de células apoptóticas. Con relación a la genotoxicidad, los resultados de las NP de Gd<sub>2</sub>O<sub>3</sub> en la concentración más alta incrementaron significativamente la frecuencia de micronúcleos, sin embargo, con las tres NP se incrementaron significativamente los puentes nucleoplásmicos y los brotes nucleares. Respecto a la mortalidad, se presentó un significativo incremento de necrosis. Estos datos sugieren que las NP son genotóxicas

y citotóxicas y también la importancia de valorar varios parámetros celulares para obtener una mejor conclusión.

TC 29

**IDENTIFICACIÓN MOLECULAR Y CULTIVO *IN VITRO* DE *Lactobacillus casei* Y *Lactobacillus acidofillus* EN POZOL DE DIFERENTES VARIEDADES DE MAÍZ CRIOLLO. Avances**

Arcos Diaz H.A.<sup>1</sup>, Espinoza Sánchez H.B.<sup>1</sup>, Ortiz Campuzano E.A.<sup>1</sup>,  
Pérez-Pascual D<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Academia de Ingeniería Biotecnológica. Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Palenque-Instituto Politécnico Nacional, Carretera Palenque-Pakal-Na, Centro. C.P. 29960, Palenque, Chiapas. <sup>2</sup>Facultad Maya de Estudios Agropecuarios. Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México.  
\*daperezp@ipn.mx; daniel.pascual@unach.mx

El pozol es una bebida de fermentación no alcohólica originaria de México y algunos países de América Central. Es elaborada principalmente a base de maíz (*Zea mays*) y es considerada como una parte importante de la cultura gastronómica de la región. Se prepara diluyendo en agua una masa fermentada de nixtamal, que es consumida como alimento básico por diversos grupos indígenas y como bebida refrescante por mestizos de las mismas regiones. Esta bebida posee propiedades probióticas, contiene gran cantidad de microorganismos (que incluye bacterias, levaduras y hongos), entre estas algunas bacterias lácticas, las cuales se desarrollan durante la fermentación. Estas son las responsables de la acidificación de la masa, por la producción de una mezcla de ácidos y, además, imparten un sabor fresco y agradable al producto. Análisis de la microbiota del pozol ha revelado la presencia de *Lactobacillus casei* y *Lactobacillus acidofillus*, sin embargo, en el pozol tradicional chiapaneco no se conoce si estas dos bacterias están presentes y si la masa nixtamalizada, proveniente de diferentes variedades de maíz, tenga una influencia directa en la selección y abundancia de las bacterias durante la fermentación del pozol. El estudio de estas bacterias durante el proceso fermentativo será de utilidad no sólo para el entendimiento de fermentaciones de sustratos complejos como la del pozol, sino también para el aprovechamiento biotecnológico de estos microorganismos. El objetivo de este trabajo fue identificar la presencia de *L. casei* y *L. acidofillus* y cultivar bajo condiciones *in vitro* estas dos bacterias. Como resultados se tiene establecido el proceso de obtención de pozol de muestras de maíz morado, amarillo y blanco. Se ha logrado detectar mediante PCR la presencia de *L. acidofillus* en una de las tres muestras analizadas, se espera lograr la detección de *L. casei* y aislarlas para estudios posteriores.

**TC 31****METAGENÓMICA: EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD MICROBIANA Y FUNCIONAL EN ECOSISTEMAS NATURALES. Avances**

Zapata Sánchez P.N., López Rodríguez M.A., Jiménez García A.,  
Arias Jiménez J.D., Torres Córdova V.C., Rodríguez Pérez C.\*

División Académica Multidisciplinaria de Jalpa de Méndez. Universidad Juárez  
Autónoma de Tabasco

La metagenómica es una herramienta de investigación que permite evaluar la diversidad y la función del microbiota en ecosistemas naturales. Este enfoque, basado en el análisis directo del material genético ambiental, es esencial para comprender la interacción entre microorganismos y su entorno. Los parámetros de investigación implican seleccionar sitios de muestreo representativos de diversos ecosistemas, como suelos, cuerpos de agua y extraer el ADN metagenómico de las muestras recolectadas. En esta investigación se utiliza la metagenómica para examinar el microbiota en ecosistemas naturales, identificando su composición y diversidad de genes, así como las funciones microbianas esenciales para la salud y funcionalidad de dichos ecosistemas. Este enfoque tiene aplicaciones en la conservación, la gestión de recursos y la identificación de respuestas microbianas a cambios ambientales. El estudio se centra en la evaluación de ecosistemas naturales a través de la metagenómica. Se eligieron diversos sitios de muestreo que representan diferentes condiciones ambientales. Se recolectaron muestras de suelo y agua utilizando técnicas estériles y se registraron las características de cada sitio. El ADN metagenómico se extraerá de las muestras y se verificará su calidad. Luego, se realizará la secuenciación NGS de las muestras para obtener datos genómicos. Estos datos se procesan y analizan mediante herramientas bioinformáticas para identificar taxonomía y funciones génicas. Se calculan índices de diversidad microbiana y funciones. Los resultados serán comparados entre los diferentes sitios y se relacionarán con las variables ambientales. En última instancia, la metagenómica en la evaluación de ecosistemas brinda información valiosa para abordar desafíos de sostenibilidad y mejorar la comprensión de la complejidad de los sistemas naturales.

TC 32

## **SILENCIAMIENTO GENÉTICO EN PLANTAS, PARA EL CONTROL VIRAL**

Ortiz Montiel P.I., López Arias C.J., Pérez Sánchez C., Leyva López D.L.,  
Ocaña Domínguez J.D., Martínez Rodríguez M.\*

División Académica Multidisciplinaria de Jalpa de Méndez. Universidad Juárez  
Autónoma de Tabasco. Carretera estatal libre Villahermosa Comalcalco, 27 S/N,  
Ranchería, 86205 Jalpa de Méndez, Tabasco. 202S1021@alumno.ujat.mx  
MMR02616@docente.ujat.mx

El silenciamiento genético es un proceso por el cual las plantas responden de manera natural apagando genes de manera específica para hacer frente ante un patógeno viral. Las plantas responden a dos tipos de silenciamiento genético: El silenciamiento transcripcional y postranscripcional. El primero afecta la modificación del ADN que inhibe la síntesis del ARNm, es decir, no ocurre la transcripción; en el postranscripcional con la presencia de ARNdc forman moléculas de ARN de interferencia (siARN); funcionan como determinantes específicos en el silenciamiento génico mediado por ARN, para después degradarlo. Las enfermedades virales en las plantas las causan un grupo de agentes fitopatógenos diversos e inusuales que infectan y causan enfermedades en muchos cultivos vegetales, provocando pérdidas económicas en el campo de la agronomía. El propósito de este trabajo es investigar los mecanismos moleculares detrás del silenciamiento génico mediado por ARN y su aplicación en la protección de cultivos contra enfermedades virales. Se llevó a cabo una recopilación de la información en distintos motores de búsqueda como Science Direct, Google Académico, Nature, etc., en referencia al silenciamiento genético como una solución para controlar agentes virales en plantas y se tomaron dos ejemplos de dichos resultados para su análisis. Se observó que algunas plantas tienen complejidad para activar o no sus defensas con ciertos virus alterando su genoma, esto se demostró en petunias transgénicas, en donde se pretendía mejorar el color introduciendo copias adicionales de un gen, sorpresivamente en el experimento notaron que en las plantas transgénicas tanto el gen endógeno como el introducido habían sido "apagados". Como resultado de la investigación, existen diferentes secuencias virales que se han utilizado para la producción de plantas transgénicas resistentes a virus. Una de ellas es (*Pisum sativum*) conteniendo el gen de la replicasa (Nlb) del Pea seedborne mosaic virus (PSbMV) el cual se observó que tiene resistencia cuando son infectadas con un aislamiento homólogo (PSbMV-DPD1). Gracias a la comprensión de los mecanismos que tienen las plantas para defenderse, permitirán

biotecnológicamente producir plantas con mayores niveles de resistencia, sin que sea necesario hacer uso de genes foráneos o extraños a la especie.

TC 33

## **IDENTIFICACIÓN DE MUTACIONES EN EL GEN *BRCA1* MEDIANTE MLPA EN PACIENTES CON SÍNDROME DE CÁNCER DE MAMA Y OVARIO HEREDITARIO (SCHMO)**

Gómez Martínez S.A., Rodríguez Salazar T.L., Rivera Vega M.R.<sup>1</sup>,  
Flores Cruz J.E., Toral López J.<sup>2</sup>, González Huerta L.M.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Genética, Hospital General de México Dr. Eduardo Liceaga.

<sup>2</sup>Genética Médica, Centro Médico Ecatepec, ISSEMYM, Edo Mex. México.

sagm2228@gmail.com, luzma\_13\_mx@yahoo.com

El cáncer de mama en la mayor parte de los casos se presenta de forma esporádica, sin embargo, entre 5 y 10% es de forma hereditaria, los genes *BRCA1* y *BRCA2* son supresores de tumores, mutaciones en estos genes aumentan de 55% a 72% la probabilidad para presentar cáncer, principalmente de mama, y 40% para desarrollar cáncer de ovario. La incidencia de mutaciones en estos genes en la población general es baja, se presenta en 1 de cada 300 a 800 personas. Los portadores de mutaciones en *BRCA1* presentan una tasa global de supervivencia con peor pronóstico, con respecto a pacientes con mutaciones en *BRCA2*, además tienen mayor probabilidad de presentar otros tipos de cáncer como; colón, páncreas y próstata. El objetivo de este trabajo fue identificar el arreglo molecular de *BRCA1* en pacientes con diagnóstico de SCHMO, con la finalidad de proporcionar asesoría genética a los pacientes y sus familiares. Se tomó una muestra de sangre periférica a 53 pacientes con diagnóstico clínico e histopatológico de SCHMO, posteriormente se realizó la extracción de DNA genómico, se utilizó la técnica molecular MLPA con la salsa *Probemix P002 BRCA1-D1* y se realizó el análisis de datos con el software *Coffalyser*, para identificar los cambios en *BRCA1*. Tres de las pacientes presentaron deleciones significativas en *BRCA1*; exón 23, 19, 16 y 13, exón 7-10 y deleción del exón 8-11, siendo esta última descrita como mutación fundadora en la población mexicana. El Hospital General de México "Dr. Eduardo Liceaga" es una Institución de tercer nivel que recibe a pacientes de todo el país, lo que implica una amplia variabilidad genética de la población. Las mutaciones en *BRCA1* presentan una baja incidencia en la población general, en el grupo de pacientes analizados, la mutación en *BRCA1* presentó 23%. La implementación de técnicas moleculares de tamizaje es de gran importancia para identificar el arreglo molecular en genes reportados, el SCHMO es una enfermedad de alto impacto social y económico en cuanto a salud pública se refiere, por lo que el uso de estas herramientas es indispensable para una intervención y asesoría genética temprana y completa.

**TC 35****LIXIVIADOS DE LODOS RESIDUALES DE PLANTAS TRATADORAS DE AGUAS INHIBEN MITOSIS EN LINFOCITOS HUMANOS CULTIVADOS**

Sesma Arreola I.L., Escobedo Contreras V.J., Bojorquez Rangel G.\*

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

Las plantas tratadoras de aguas generan lodos residuales que son enviados a rellenos sanitarios y frecuentemente utilizados como fertilizantes en campos agrícolas donde, eventualmente, mediante precipitaciones pluviales o riego de parcelas forman lixiviados que terminan en mantos freáticos, ríos y lagunas exponiendo a la fauna silvestre y trabajadores del campo. Debido al proceso que implica el tratamiento de aguas residuales, estos lodos tienden a acumular una gran cantidad de sustancias orgánicas e inorgánicas que pueden resultar en efectos nocivos sobre los seres vivos. El objetivo de este estudio preliminar fue evaluar el efecto de lixiviados obtenidos a partir de estos lodos en linfocitos humanos cultivados y sus efectos sobre la tasa media de división celular. Para esto, las muestras de lixiviados fueron obtenidas del lavado de lodos residuales utilizados en campos agrícolas en los que fueron vertidos como fertilizantes. La solución resultante fue esterilizada por filtración con membranas de  $0.22\mu\text{m}$  y aplicada a cultivos de linfocitos de 24 horas a concentraciones de 20, 50, 100, 150 y  $200\ \mu\text{L/mL}$ . Los cultivos se realizaron en medio McCoy 5<sup>a</sup> mod y se les agregó fitohemaglutinina a concentraciones de  $8\ \mu\text{g/mL}$  y fueron cosechadas a las 72hrs. Cada cultivo se realizó por triplicado y se incluyeron 3 controles positivos y tres negativos. Durante la cosecha a los controles positivos se les agregó colchicina, negativos y tratamientos con lixiviado no recibieron ningún tratamiento con el inhibidor del huso mitótico. Los resultados muestran que cultivos de linfocitos tratados con concentraciones de  $20\ \mu\text{L}$  no tuvieron ningún efecto destacable sobre las células, mientras que concentraciones de 50 y  $100\ \mu\text{L}$  inhibieron la división celular en la etapa de metafase, mostrando tasas de división celular similares a los cultivos tratados con inhibidores del huso mitótico ( $p < 0.0001$ ). Concentraciones superiores ( $150$  y  $200\ \mu\text{L}$ ) no permitieron la proliferación celular. Los resultados muestran que estos lixiviados interfieren con la división celular a concentraciones específicas disminuyendo la tasa media de división celular, representando por lo tanto un potencial riesgo para la salud. Estudios en curso están realizándose para ver otros efectos genotóxicos incluyendo alteraciones cromosómicas.

TC 36

## **CONTRIBUCIÓN DE LA GENÉTICA MOLECULAR EN LA PRODUCCIÓN DE BIOPLÁSTICOS MEDIANTE CEPAS DE *E. coli* RECOMBINANTE**

De La Torre Moreno A., Ovando Ricardez A.E., Landero Perez Y.,  
Lazaro Ojeda K., Rodriguez Perez C.\*

Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Arathdelatorremoreno@gmail.com

El Polihidroxitirato (PHB) es un biopolímero termoplástico con aplicaciones prometedoras en la industria de envases y plásticos biodegradables. Su producción sostenible es de gran interés debido a la creciente preocupación por la contaminación plástica. Bacterias como *Escherichia coli* (*E. coli*), han emergido como candidatos atractivos para la producción eficiente de PHB debido a sus bloqueos en sus rutas metabólicas de este polímero en condiciones favorables. El objetivo de esta revisión científica fue estudiar la producción de PHB utilizando cepas recombinantes de *E. coli* y evaluar la viabilidad de este enfoque como una alternativa sostenible a la producción de plásticos convencionales. Se utilizó una cepa de *E. coli* modificada genéticamente utilizando el plasmido pMCS-sacC para transformar la sacarosa como fuente eficiente de carbono para la posterior síntesis de PHB. Las bacterias recombinantes se cultivaron en un medio de cultivo enriquecido de sacarosa. Se controlaron variables como la concentración de sustrato y las condiciones de fermentación para optimizar la producción de PHB. Se realizaron análisis de contenido de PHB, así como de rendimiento y eficiencia de producción. Los resultados demostraron que las cepas recombinantes de *E. coli* fueron capaces de acumular PHB de manera significativa bajo las condiciones de cultivo adecuadas. Los niveles de PHB alcanzaron hasta un 56% de la masa celular en condiciones óptimas de fermentación sobre la cepa *E. Coli* S17-1, lo que indicó una alta capacidad de eficiencia en la producción y en la acumulación de PHB. Los análisis de caracterización revelaron propiedades similares a las del PHB convencional, lo que sugiere su potencial aplicabilidad en diversas industrias. Esta revisión científica demuestra la viabilidad de producir PHB mediante bacterias recombinantes de *E. coli*. La estrategia de ingeniería genética permitió una acumulación efectiva de PHB utilizando sustratos renovables, lo que resalta su potencial como alternativa ecológica a los plásticos convencionales. Los resultados también subrayan la importancia de optimizar las condiciones de fermentación para maximizar la producción de PHB. La producción de PHB mediante bacterias recombinantes podría contribuir significativamente a la reducción de la dependencia de los plásticos derivados del petróleo y a la disminución de la contaminación plástica.

TC 37

**METILACIÓN DEL GEN *LEP* Y SU PAPEL NUTRIGENÓMICO EN RELACIÓN AL TRASTORNO DIABETES MELLITUS GESTACIONAL**

Ovando Cupil C.M., Diaz Hernández F.M., Diaz Cerino H.J.,  
Badal De La Cruz J.J., Torres León N., Frías Álvarez B.A.,  
Rodríguez Pérez C. \*

Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. 192S1014@alumnos.ujat.mx

La obesidad está asociada con la desregulación de una de las principales adipocinas como la leptina; en la etapa gestacional, por lo anterior, la obesidad tiene un impacto en el desarrollo de la placenta. Sin embargo, no se ha demostrado la participación de la leptina en las alteraciones placentarias descritas en mujeres obesas. El propósito de este estudio es identificar el factor nutrigenómico en la metilación del gen *LEP* implicado en mujeres con trastornos en diabetes mellitus gestacional (DMG). Se realizó una revisión sistemática en la plataforma PubMed en la cual se encontraron 23 artículos con relación al gen *LEP* y su metilación. Seleccionando 13 artículos relevantes para la investigación. Se determinó que existe una correlación en la trayectoria temprana de sobrepeso transitorio y el silenciamiento de genes que se relacionan con una trayectoria temprana de obesidad persistente, además la ingesta calórica total también podría estar relacionada con la metilación de *LEP* en la placenta, debido a que participa en la secreción y regulación del apetito, por medio del hipotálamo sobre el triglicérido. Estos hallazgos enfatizan la importancia de la ingesta de carbohidratos en la metilación de *LEP* en la placenta. Por lo cual estos estudios nos ayudan a comprender que la obesidad en las mujeres embarazadas con hiperglicemia puede conducir a un alto nivel de metilación en la respuesta de desorden alimenticio para el gen *LEP*, dando síntomas severos relacionados con la retención de glucosa en sangre durante el embarazo u ocasionando preeclampsia.

TC 38

**EVALUACIÓN DEL ENTRECruzAMIENTO INTERESPECIE  
DE CEPAS DE HONGOS DEL GÉNERO *Schizophyllum*  
(FUNGI: BASIDIOMYCOTA)**

Estrada Hernández D.C.<sup>1</sup>, Rodríguez Pérez C.<sup>1\*</sup>, Carreño Ruiz S.D.<sup>2</sup>,  
Lázaro Ávalos A.A.<sup>2</sup>, Cappello García S.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>División Académica de Jalpa de Méndez, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Carretera Estatal Libre Villahermosa-Comalcalco, Km. 27+000 S/N Ranchería Ribera Alta, C.P. 86205, Jalpa de Méndez, Tabasco, México. <sup>2</sup>Facultad Maya de Estudios Agropecuarios, Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México. <sup>3</sup>División Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Carretera Villahermosa-Cárdenas Km. 0.5 S/N, Ranchería Emiliano Zapata, 86150 Villahermosa, Tabasco  
potencia\_riguez@hotmail.com.

El consumo de hongos comestibles ha aumentado en las últimas décadas en todo el mundo, dejando ganancias de miles de millones de dólares. En México, la producción de hongos ofrece importantes beneficios ecológicos, sociales y económicos, sin embargo, el consumo interno del país centra su interés en el cultivo de cepas extranjeras que se explotan a gran escala, como son las especies *Agaricus bisporus*, *Pleurotus spp*, *Lentinula edodes*, entre otros. México, en su gran biodiversidad cuenta con al menos 150 especies de hongos comestibles silvestres con gran potencial que podrían ser sujetas para su aprovechamiento y cultivo, como aquellas especies incluidas en el género *Schizophyllum*, sin embargo, para este género, no se tienen registros de programas de mejoramiento genético que permitan obtener nuevas cepas con características mejoradas en cuanto a rendimiento, volumen de producción y la obtención de morfologías deseables para su aceptación con los consumidores. En este estudio se evaluó *in vitro* la viabilidad de reproducción interespecie de cepas de *S. radiatum* (FMEA-008) y *S. commune* (CCGG-010) con la finalidad de obtener referentes sobre su mecanismo de interfertilidad. Se seleccionaron cuerpos fructíferos de ambas especies para obtener basidiósporas en el medio de cultivo Papa Dextrosa Agar (PDA) con colorante vegetal, logrando asilar basidiósporas haploides o neohaplontes, confirmadas mediante microscopía óptica. Los neohaplontes confirmados de las dos especies se entrecruzaron entre sí en todas las combinaciones posibles en medio de cultivo PDA. Se obtuvieron 21 entrecruzamientos de los cuales 20 resultaron ser compatibles. El estudio muestra que la interfertilidad de estas especies posiblemente se encuentra determinada por su distancia geográfica, lo cual, constituye un dato de importancia para la selección del material

genético para futuros programas de mejoramiento genético de cepas de hongos comestibles del sureste de México.

TC 39

## VALORACIÓN DEL EFECTO ANTIINFLAMATORIO DE PTEROPODINA EN ROEDORES

Paniagua-Pérez R.<sup>1</sup>, Sánchez Chapul L.<sup>1</sup>, Madrigal-Bujaidar E.<sup>2</sup>,  
Álvarez-González I.<sup>2</sup>, Madrigal Santillán E.O.<sup>3</sup>, Cruz Hernández L.<sup>1</sup>,  
Martínez Canseco C.J.<sup>1</sup>, Reyes Legorreta C.<sup>1</sup>, Ruiz Rosano L.<sup>1</sup>,  
Hernández Flores C.<sup>1</sup>, Valdez Mijares R.<sup>1</sup>, Quintana Armenta A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Rehabilitación "Luis Guillermo Ibarra Ibarra", CDMX. <sup>2</sup>Laboratorio de Genética, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas-Instituto Politécnico Nacional, CDMX. <sup>3</sup>Laboratorio de Medicina de la Conservación, Escuela Superior de Medicina, Instituto Politécnico Nacional, CDMX.

La artritis reumatoide es una enfermedad autoinmune caracterizada por inflamación, afecta articulaciones, cartílago, tendones, ligamentos y huesos. Se utilizan varios fármacos con este fin, sin embargo, el efecto terapéutico suele ser sintomático, no permanente y puede causar daños colaterales. Por lo que el objetivo de este trabajo fue la búsqueda de nuevos compuestos con eficacia para reducir los mecanismos fisiopatológicos que conducen a la enfermedad y pocos efectos secundarios tóxicos. La pteropodina (PT) es un componente de plantas con propiedades farmacológicas potencialmente útiles en humanos. Este compuesto tiene propiedades biomédicas relacionadas con la modulación del sistema inmunológico, el sistema nervioso y los procesos inflamatorios. Este estudio aborda los efectos antiinflamatorios y la capacidad antioxidante de la pteropodina en un modelo murino de artritis inducida y en edema de la oreja del ratón. Para evaluar la actividad antiinflamatoria, utilizamos el método pasivo inverso de la Reacción de Arthus (RPAR), que incluye la prueba de edema de pata de rata, la prueba de pleuresía en rata y una prueba en modelo de ratón de edema de oreja. Los resultados fueron los siguientes PT mostró un efecto antiinflamatorio en las diferentes pruebas específicas y no específicas. Encontramos un efecto inhibitorio del 51, 66 y 70% con 10, 20 y 40 mg/kg de PT respectivamente, en la prueba de edema de pata de rata. En el ensayo de pleuresía, 40 mg/kg de PT indujeron un recuento bajo de neutrófilos (hasta 36%) en comparación con el grupo de control negativo, y 20 mg/kg de PT aumentaron el contenido de linfocitos hasta en un 28%, el volumen de exudado pleural disminuyó en un 52% en comparación con el grupo control negativo. También encontramos una inhibición inflamatoria del edema del 81,4% en el edema inducido de oreja con 0,04 mg/PT, y una inhibición significativa de la enzima mieloperoxidasa con las tres dosis de PT administradas. Concluimos que el PT ejerció un potente efecto antiinflamatorio en las pruebas ejecutadas en los roedores. Palabras

clave: ensayos antiinflamatorios; modelo murino; edema inducido por roedores.

TC 40

**ESTIMACIÓN DEL DAÑO POR BASES OXIDADAS EN EL ADN DE LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS *IN VITRO* CON GALIO**Juárez-López B.A., Mateos-Nava R.A., Álvarez-Barrera L.,  
López-Lanuza, A. Rodríguez-Mercado J.J.\*

Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Campus II, Universidad Nacional Autónoma de México, Batalla 5 de mayo s/n, Ejercito de Oriente, Iztapalapa, CP 09230, CDMX, México. \*juserom@unam.mx

El galio (Ga) es un metal que en las últimas décadas se ha liberado al ambiente por sus amplios usos en la industria metalúrgica, electrónica, energética y en la actualidad es considerado contaminante prioritario. El Ga y sus compuestos son tóxicos y tienen efectos perjudiciales en la salud. Al ingresar al organismo es capaz de desplazar iones esenciales como el hierro. Sin embargo, los mecanismos de acción por los cuales ejerce su toxicidad a nivel celular y genético no se conocen del todo. Por lo que, en este trabajo se investigó el daño en el ADN con enzimas de restricción en linfocitos humanos tratados con cloruro de galio ( $\text{GaCl}_3$ ). Se tomaron muestras de sangre periférica de tres voluntarios masculinos de 18 a 30 años, sin toxicomanías ni enfermedades recientes. Se aislaron los linfocitos y se cultivaron durante 1 y 3 h con  $\text{GaCl}_3$  en concentraciones de 0 (testigo), 0.1, 0.5, 1, 5, 10, 50  $\mu\text{g/mL}$ . Se colectaron las células y se evaluó la viabilidad y simultáneamente se hicieron las preparaciones para evaluar el daño en el ADN con y sin la enzima formamidopirimidina ADN-glicosilasa (FPG). La estimación de daño al ADN se realizó utilizando la técnica de "ensayo cometa". Con la ayuda de una regla ocular adaptada al microscopio de fluorescencia se midió la longitud del cometa y la migración del ADN nuclear. En todas las concentraciones y tiempos de exposición a  $\text{GaCl}_3$  la viabilidad celular no presentó cambios. Los resultados muestran que al aumentar la concentración de  $\text{GaCl}_3$  aumenta el daño en el ADN, además este aumenta conforme al tiempo de exposición. Por otro lado, la enzima FPG revela que el Ga induce daño al ADN por oxidación de bases. Estos resultados confirman que la genotoxicidad del Ga a nivel cromosómico [1] está relacionada con la inducción de daño al ADN por estrés oxidante.

Financiamiento UNAM, DGAPA-PAPIIT clave IA201123 y IN210324.

**TC 41****PARTICIPACIÓN DE lncRNAs EN EL DESARROLLO DE COMPLICACIONES DIABÉTICAS: REVISIÓN SISTEMÁTICA Y META-ANÁLISIS**Cabrera Nájera L.E.<sup>1</sup>, Chirino Galindo G.<sup>1</sup>, Palomar Morales M.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Metabolismo de la Diabetes Mellitus, Unidad de Morfofisiología, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, Estado de México, México.

La diabetes mellitus (DM) es un conjunto de trastornos metabólicos caracterizados por hiperglucemia crónica, que puede causar daños macro y microvasculares. Debido a su prevalencia mundial, se ha convertido en un importante problema de salud pública, y se han buscado tratamientos efectivos para abordarla. En los últimos años, se ha sugerido que los lncRNAs (RNAs largos no codificantes) desempeñan un papel importante en el desarrollo de complicaciones diabéticas, debido a la afectación de diversas rutas de señalización por modificaciones moleculares. El objetivo de este estudio fue evaluar la participación de los lncRNAs en el desarrollo de patologías asociadas a la hiperglucemia crónica en diferentes modelos animales de rata y ratón, en diferentes tipos de diabetes (Diabetes mellitus tipo 1, tipo 2 y gestacional [T1DM, T2DM y GDM]). Para ello, se realizó una búsqueda sistemática y exhaustiva de estudios, y se llevó a cabo un metaanálisis para cuantificar la tasa de cambio de expresión de lncRNAs al ser expuestos a un ambiente diabético. Los resultados mostraron que, de las 11 complicaciones diabéticas identificadas, las más representativas fueron la retinopatía, la nefropatía, la neuropatía y las afecciones hepáticas. Asimismo, se encontró que MALAT1, H19, NEAT1 y TUG1 fueron los lncRNAs más estudiados en relación con estas complicaciones en ratas y ratones. Por otro lado, los lncRNAs con mayor tasa de cambio fueron MSTRG.1662 y ENSRNOT00000093120\_Aox3, NONRATG013497.2 en ratas; y SIRT1 y TUG1, CYP4B1-PS1-001, M-50.6, 1500026H17Rik y NEAT1 en ratones. A pesar de que el metaanálisis ha demostrado una asociación significativa entre la expresión anormal de lncRNAs y las principales complicaciones diabéticas, así como la identificación de nuevos blancos terapéuticos para la DM, se necesitan estudios más rigurosos para comprender completamente el papel de los lncRNAs en la progresión de las complicaciones diabéticas.

**TC 42****ESTUDIO PILOTO EN IDENTIFICACIÓN DE MUTACIONES EN *FLG*  
(FILAGGRIN) EN PACIENTES CON DERMATITIS ATÓPICA**

Contreras Ortiz L.E., \*González Huerta L.M., Rivera Vega M.R.,  
Urueta Cuellar H., Toral López J., Cuevas Covarrubias S.A.

Hospital General de México "Dr. Eduardo Liceaga". luzma\_13\_mx@yahoo.com

La dermatitis atópica es una enfermedad inflamatoria crónica en la cual no solo intervienen factores inmunitarios y ambientales sino que también tiene una carga genética, la cual aún no se encuentra bien definida, sin embargo se cree que no solo existe un gen responsable de esto sino que hay varios genes involucrados en su desarrollo, uno de los principales es el gen *FLG* (filaggrin), en el cual se encuentra una mutación aproximadamente en 20-30 pacientes de cada 100, un alto porcentaje comparado con el de la población en general que es de un 8% a un 10%. Este gen se encuentra situado en el brazo largo del cromosoma 1 (1q21.3) y codifica para una proteína llamada profilagrina, que se divide para producir varios fragmentos de esta proteína. La filagrina está implicada en la creación de la estructura de la capa externa de la piel, construyendo una barrera que ayuda a minimizar la pérdida de agua ya que produce moléculas que forman parte del factor hidratante natural de la piel, además de mantener fuera cuerpos extraños como toxinas, bacterias y alérgenos (polen y polvo). Ya que en la fisiopatología de la dermatitis atópica se produce una inflamación ya existe desde una alteración estructural y funcional de la barrera cutánea hasta la alteración de la respuesta inmunitaria de linfocitos T colaboradores de tipo 2. La clínica de la dermatitis atópica está dada por xerosis cutánea, prurito intenso y eccema y el tratamiento va desde productos tópicos, fototerapia hasta tratamientos sistémicos. En el presente estudio se analizaron 10 muestras de sangre periférica de pacientes con diagnóstico clínico de Dermatitis atópica, a las cuales se les realizó secuenciación Sanger abarcando la región codificante del Gen *FLG* (filaggrin), identificando 3 heterocigosidades para p.R501X y se observó que el resto de los pacientes reportaron el alelo *wt* para el gen *FLG*. Como conclusión se sugiere la correlación fenotipo-genotipo en los pacientes con dermatitis atópica, con la finalidad de identificar si hay un cambio en la severidad del fenotipo.

**TC 43****PRESENCIA DEL POLIMORFISMO DEL GEN *ABCA1* (rs9282541) Y SU ASOCIACIÓN CON DISLIPIDEMIA EN PERSONAS CON OBESIDAD DE LA CIUDAD DE MÉXICO**

Hernández-Guerrero C.<sup>1\*</sup>, Teruel-Belismelis G.<sup>1</sup>, Arenas E.<sup>2</sup>,  
Hernández-Jiménez M.F.<sup>1</sup>, Schiffner González A.<sup>1</sup>, Martínez-Castro N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Iberoamericana, CDMX. <sup>2</sup>University of California, Santa Barbara, USA.  
Prol. Paseo de la Reforma 800. Santa Fe, C.P. 01219, CDMX  
cesar.hernandez@ibero.mx.

La obesidad se asocia a diversas comorbilidades como dislipidemia, diabetes hipertensión y enfermedades cardiovasculares entre otras. La presencia del SNP *ABCA1* (rs9282541) de la proteína transportadora de colesterol dependiente de ATP A1, es fundamental para la homeostasis del colesterol. El objetivo del trabajo fue identificar la asociación del SNP antes señalado de *ABCA1* con la presencia de obesidad (OB), así como su asociación con dislipidemias que presentan personas que viven con obesidad portadoras del mencionado SNP. Se reclutaron 100 adultos mestizos mexicanos con obesidad (OB) y 100 personas con normopeso (NP). Se purificó ADN a partir de células mononucleares periféricas, y mediante la técnica de PCR en tiempo real se identificó el SNP *ABCA1* (rs9282541). La concentración de lípidos se determinó en sangre periférica en las personas participantes. Se empleó la prueba  $\chi^2$  para comparar la frecuencia del polimorfismo entre el los grupos OB y NP. La prueba estadística Mann-Whitney fue empleada para comparar las concentraciones de lípidos entre portadores y no portadores del alelo de riesgo del grupo OB. Una  $p < 0.05$  fue aceptada como diferencia significativa. La comparación por arrastre (homocigotos más heterocigotos) del alelo de riesgo (A) del SNP *ABCA1*, no mostró diferencia estadística:  $\chi^2 = 0.014$ ,  $p = 0.91$ ; O/R = 1.092; I.C. 95% 0.58-2.08, entre la frecuencia del grupo OB (0.83) y NP (0.84). Sin embargo, se observó una mayor concentración estadística de Colesterol-total y Triglicéridos ( $p < 0.05$ , en ambos casos) en el grupo de personas OB portadoras del alelo de riesgo analizadas por arrastre (A/A + A/G) versus el grupo OB silvestres (G/G). Colesterol: 183+/-42 vs 146+/-24 mg/dL. Triglicéridos: 359+/-152 vs 201+/-119 mg/dL, respectivamente. Por lo que no existe diferencia estadística en la frecuencia del SNP *ABCA1* (rs9282541) entre personas de los grupos OB y NP. Por otro lado, la presencia del alelo de riesgo del SNP en las personas con OB, se asocia a una mayor concentración de colesterol total y triglicéridos periféricos, lo que se relaciona directamente con la alta morbi-mortalidad que presentan las personas que viven con obesidad a causa de enfermedades cardiovasculares.

TC 44

## EFFECTO GENOTÓXICO DE LA OBESIDAD Y LA SUPLEMENTACIÓN DE FRUCTOSA EN RATAS WISTAR

González-Gutiérrez A.M.<sup>1</sup>, Cervantes-Ríos E.<sup>1\*</sup>, Orozco Colín E.D.<sup>2</sup>,  
Ortiz-Muñiz A.R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa, Avenida San Rafael Atlixco 186, CP. 09340 CDMX, México. <sup>2</sup>Licenciatura en Biología Experimental, UAM-Iztapalapa, CDMX, México.  
elsi\_cervantes@hotmail.com

La obesidad infantil puede desarrollarse por múltiples factores, uno de ellos es el consumo de bebidas endulzadas con fructosa. Este edulcorante provoca alteraciones como la liberación de citocinas proinflamatorias. La inflamación crónica característica de la obesidad aumenta, y esto genera estrés oxidante. Esta condición se ha asociado con daño genotóxico. El objetivo fue determinar en ratas bien nutridas (BN), obesas (OB) y suplementadas con solución de fructosa (OBAz) el daño genotóxico, utilizando el ensayo de micronúcleos (MN) por citometría de flujo. Se indujo obesidad experimental en ratas Wistar lactantes utilizando el método de reducción de camada. A las nodrizas del grupo OBAz se les proporcionó una solución de fructosa al 5 %. Posterior al día de nacimiento (día 1), se pesaron y se midieron cada tercer día. Se calculó IMC. El día 21 se obtuvo sangre por punción cardiaca, las muestras se fijaron en metanol ultra frío. Se tiñeron con anti-CD71-FITC para diferenciar reticulocitos (RET) de eritrocitos (E). Se usó yoduro de propidio para teñir el ADN de los MN. Se analizaron  $1 \times 10^6$  eventos en un citómetro de flujo (FACScalibur). También se midieron las concentraciones de glucosa y triglicéridos para calcular el índice TyG. Las ratas OB (n=29) y OBAz (n=11) tuvieron un IMC de 0.319 (obesidad grado I) y 0.26 g/cm<sup>2</sup> (sobrepeso), respectivamente. El IMC de BN fue de 0.22 g/cm<sup>2</sup>. El porcentaje de RET-MN registrado para OB y OBAz fue de  $1.49 \pm 0.12$  y  $0.32 \pm 0.02$  %. BN mostró una frecuencia de  $0.06 \pm 0.006$  %. Se encontró diferencia significativa entre BN vs OB, BN vs OBAz, y OB vs OBAz ( $p \leq 0.05$ ). Las concentraciones de glucosa para BN, OB y OBAz fueron 92, 122 y 102 mg/dL, mientras que para triglicéridos fueron 96, 112 y 119 mg/dL, respectivamente. El índice TyG mostró que OB y OBAz, presentaron resistencia a la insulina, ya que fue mayor a 8.3. Se observó daño genotóxico en los grupos experimentales, así como resistencia a la insulina. Se esperaba que OBAz mostrará un grado de obesidad mayor, así como mayor frecuencia de MN, pero no fue así.

TC 45

**METALES INTERESANTES DE LA FAMILIA III A:  
CONTAMINACIÓN, TOXICOCINÉTICA Y GENOTOXICIDAD  
DEL GALIO, INDIO Y TALIO**

López-Lanuza A.<sup>1</sup>, Mateos-Nava R.A.<sup>2</sup>, Álvarez-Barrera L.<sup>2</sup>,  
Rodríguez-Mercado J.J.<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Posgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Avenida Ciudad Universitaria 3000, Coyoacán, 04510, CDMX, México.

<sup>2</sup>Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Campus II, Universidad Nacional Autónoma de México, Batalla 5 de Mayo S/N, Ejército de Oriente, Iztapalapa, CP 09230, CDMX, México. \* juserom@unam.mx

Este trabajo es una revisión realizada con el objetivo de compilar la información disponible en mamíferos sobre la contaminación, toxicocinética, mutagenicidad y genotoxicidad del Ga, In y Tl en estado de oxidación +3; la cual ha sido publicada este año en la Rev. Int. Contam. Ambie. [<https://doi.org/10.20937/RICA.54784>]. El galio (Ga), indio (In) y talio (Tl) son tres metales pertenecientes a la familia 13 (IIIA) de la tabla periódica de los elementos químicos y por sus múltiples aplicaciones industriales, tecnológicas, agrícolas y médicas, se ha propiciado el incremento de su presencia en el ambiente y en los ecosistemas. Sin embargo, ninguno tiene funciones biológicas reconocidas. El Ga<sup>3+</sup>, In<sup>3+</sup> y Tl<sup>3+</sup> tienen propiedades particulares que influyen en su mecanismo de acción, tal como la composición química, la solubilidad y el tamaño de la partícula; las cuales a su vez participan en los procesos de inducción de toxicidad. Varios de sus efectos están asociados con la ruta de exposición, su absorción y entrada a la célula, la capacidad de desbalancear la homeostasis oxidante-antioxidante, alterar las funciones moleculares y generar toxicidad celular. Asimismo, la capacidad de generar daño a las biomoléculas, entre ellas el ADN. En general, los estudios realizados sobre el Ga<sup>3+</sup>, In<sup>3+</sup> y Tl<sup>3+</sup> demuestran su capacidad de inducir varios efectos adversos que pueden repercutir en la salud humana.

Este trabajo contó con el apoyo del proyecto PAPIIT No. IN229220 de la Dirección General de Asuntos del Personal Académico de la UNAM, México.

TC 46

**DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Metarhizium anisopliae*  
EN CAÑAVERALES DE TABASCO**Bautista Galvez A.<sup>1</sup>, Cambrano Ballina S.J.<sup>1\*</sup>, González Cortés N.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Facultad Maya de Estudios Agropecuarios de la Universidad Autónoma de Chiapas, Carretera Catazaja-Palenque, Chiapas. <sup>2</sup>Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Sergio.ballina97@unach.mx

Los marcadores moleculares de ADN han demostrado ser muy valiosos principalmente en estudios de la diversidad genética y mapeo de genes estas técnicas han tomado auge desde el desarrollo de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) (por sus siglas en inglés Polymerase Chain Reaction). Entre las técnicas más comunes en este campo pueden mencionarse los RFLPs (por sus siglas en inglés, Restriction Fragment Length Polymorphism), AFLPs (por sus siglas en inglés, Amplified Fragment Length Polymorphism), RAPD (por sus siglas en inglés, Randomly Amplified Polymorphic DNA), entre otros. Estas técnicas resultan ser herramientas que facilitan la identificación mediante la detección de polimorfismo y el desarrollo de perfiles genéticos entre los aislamientos, razas, subespecies de interés. La metodología usada en este estudio de diversidad genética fue RAPDs, técnica basada en PCR. También estos marcadores han sido utilizados para asociar patrones específicos a índices de patogenicidad. Los RAPD se utilizaron para rastrear cepas entomopatógenas específicas de *Metarhizium anisopliae* provenientes de suelo de cañaverales del estado de Tabasco. Esta técnica ofrece ventajas: la cantidad de ADN es reducida (10-25ng), los partidores son pequeños, no se requiere de un conocimiento previo a la genética del organismo y la ejecución es de poca complejidad y de menor costo que otras técnicas. Sin embargo, hoy en día han sido aplicado para *Metarhizium anisopliae* debido al potencial uso de este hongo como agente de control biológico, para detectar las variaciones entre aislamientos. En esta investigación, se planteó como objetivo estudiar la diversidad genética de *Metarhizium anisopliae* mediante la amplificación de segmentos de ADN usando RAPD por sus siglas en inglés (Random Amplified Polymorphic DNA). Este conocimiento genético básico permitió su manipulación para la obtención de cepas para la caracterización de los ceparios, así como para la producción de determinados biopreparados hoy en día en la Facultad Maya de Estudios Agropecuarios de la UNACH.

**TC 47****INDUCCIÓN DE DAÑO GENOTÓXICO CON DOXORRUBICINA  
EVALUADO POR MICRONÚCLEOS**

González-Gutiérrez A.M., Cortés-Barberena E.\*, Cervantes-Ríos E.,  
Ortiz-Muñiz A.R.

Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo, Universidad Autónoma  
Metropolitana, Unidad Iztapalapa, Avenida San Rafael Atlixco 186, CP. 09340 CDMX,  
México. cobe@xanum.uam.mx

La desnutrición es el mayor reto para la salud pública a nivel mundial debido a sus consecuencias, como un sistema inmunológico susceptible y daño al ADN. Un fármaco quimioterapéutico utilizado para el tratamiento de neoplasias es la doxorubicina (DOX), que produce rupturas de doble cadena en el ADN. El objetivo de este trabajo fue analizar el daño genotóxico inducido por DOX en reticulocitos (RET) de ratas desnutridas (DN) y bien nutridas (BN) con el ensayo de micronúcleos (MNs) por citometría de flujo. En ratas Wistar lactantes se indujo la desnutrición experimental asignando a una nodriza 16 crías para el grupo DN y para el BN 8 crías. Se pesaron cada tercer día, iniciando el día posterior al nacimiento (día 1) para determinar el grado de desnutrición comparado con el grupo BN. El día 20 se administró 1mg/kg de DOX o el vehículo vía intraperitoneal; el día 21 (destete) se extrajo sangre, y se realizó el procedimiento para MNs: las muestras se fijaron en metanol ultrafrío; posteriormente se incubaron con anti-CD71-FITC para diferenciar RET de eritrocitos (E), así como yoduro de propidio (IP) para teñir el ADN de los MNs. A la par, este reactivo (IP) se utilizó para revisar la viabilidad de las muestras por citometría de flujo. Se adquirieron  $1 \times 10^6$  eventos en un citómetro FACScalibur. Viabilidad: El porcentaje de células viables en ratas BN con el vehículo (BNv) fue de  $97.16 \pm 0.79$ ,  $n=2$ ; BN con DOX (BNDOX)  $98.39 \pm 1.04$ ,  $n=3$ ; DN con el vehículo (DNv)  $97.66 \pm 1.17$ ,  $n=4$ , y DN con DOX (DNDOX)  $97.83 \pm 0.94$ ,  $n=4$ . MNs: Los grupos registraron los siguientes porcentajes de reticulocitos micronucleados (RET-MN): BNv  $0.08 \pm 0.0005\%$ ; BNDOX  $1.30 \pm 0.68\%$ ; DNv  $1.46 \pm 0.21\%$  y DNDOX  $2.29 \pm 0.06\%$ . Los valores registrados hasta el momento evidencian la presencia de daño genotóxico producido por DOX en ratas BN y DN. Se requiere aumentar la n para observar si la tendencia observada se mantiene.

TC 48

## **HERRAMIENTAS ACTUALES DE BIOLOGÍA MOLECULAR EN EL APOYO AL DIAGNÓSTICO DE ENFERMEDADES DE ORIGEN GENÉTICO. PROTOCOLO DE INVESTIGACIÓN**

Villalba Guerrero K.<sup>1</sup>, Toral López J.<sup>2</sup>, González Huerta L.M.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular HGM, <sup>2</sup>Centro Médico ISSEMyM Ecatepec.  
luzma\_13\_mx@yahoo.com, villalb@live.com.mx

La utilización de herramientas de diagnóstico molecular a partir de la PCR punto final, MLPA, secuenciación de Sanger e incluso NGS para la identificación y caracterización del arreglo molecular en enfermedades de origen genético en la actualidad ha venido revolucionar la medicina actual, ya que el apoyo en el diagnóstico clínico facilita al área clínica el manejo específico y multidisciplinario de los pacientes en nuestra Institución, la iniciativa del área de investigación en el laboratorio de biología molecular, se ha podido llegar a un número creciente de pacientes lo que ha acortando el tiempo de estudios con la finalidad de proporcionar un asesoramiento genético más completo al establecer una relación fenotipo-genotipo. En el presente trabajo pretendemos evidenciar la aplicación de técnicas de biología molecular en algunas enfermedades de origen genético como Ictiosis ligada al cromosoma X (180 PCR's), en Neuroblastoma (50 MLPA's), enfermedad de priones (280 reacciones de sec. de Sager) y síndrome de cáncer de mama y ovario hereditario (30,NGS), procedimientos que permitieron la caracterización del arreglo molecular y un asesoramiento genético temprano. Aún en el sector público es carente la aplicación de las diversas herramientas de biología molecular, bajo el argumento de costos elevados, no obstante, si consideramos que los pacientes refieren haber consultado a entre 3- 7 especialistas para llegar a un diagnóstico certero, implicando gasto de consultas, estudios de laboratorio, tratamientos farmacológicos a veces innecesarios, más el estrés e incertidumbre que generan los pacientes al desconocer certeramente el origen e incluso la enfermedad que padecen, la utilidad de las herramientas de biología molecular es justificable, por lo que consideramos de gran importancia la difusión de la utilidad de herramientas moleculares, con miras a explorar la medicina de precisión sobre todo en cáncer de origen genético y hereditario lo que conlleva a incentivar una cultura de prevención.

TC 49

**EFFECTO DEL TRICLORURO DE VANADIO SOBRE CICLO CELULAR Y LOS NIVELES DE EXPRESIÓN DE LAS PROTEÍNAS ATM Y  $\gamma$ -H2AX EN LINFOCITOS HUMANOS TRATADOS *IN VITRO***

Quiterio-Sánchez M., Mateos-Nava R.A\*., Álvarez-Barrera L.,  
Rodríguez-Mercado J.J.

Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Campus II, Universidad Nacional Autónoma de México, Batalla 5 de Mayo S/N, Ejercito de Oriente, Iztapalapa, CP 09230, CDMX, México. \*a\_mateos\_n@yahoo.com.mx.

El vanadio es un metal considerado contaminante ambiental por su liberación y persistencia en la atmósfera e ingresa al organismo a través de la respiración o la ingesta de alimentos. En el laboratorio se ha observado que sus compuestos, en diferentes estados de oxidación, modifican los niveles de expresión de proteínas reguladoras del ciclo celular, entre ellas, p21, p53, ciclina E y Cdk2, lo que llevó al retraso de la proliferación de linfocitos humanos, también, que inducen daño primario al ADN. Sobre el tricloruro de vanadio se ha encontrado que altera la proliferación, asimismo, la expresión de p21 y p53. Sin embargo, no se conoce aún el mecanismo de acción mediante el cual ejerce estos efectos. Por lo que, en este trabajo se evaluó si modifica la expresión de las proteínas ATM y  $\gamma$ -H2AX en linfocitos humanos tratados *in vitro* con 2, 4, 8 o 16  $\mu\text{g/mL}$  durante 24 y 48 horas. Para lo cual, se determinó el contenido de ADN en las diferentes fases del ciclo celular por citometría de flujo y los niveles de expresión de las proteínas ATM y  $\gamma$ -H2AX mediante "western blot". Los resultados demuestran que el tricloruro de vanadio incrementa la proporción de células en la fase S a las 24 horas y en fase G1 a las 48 horas. Con respecto a la proteína ATM se mantiene sin cambios en ambos tiempos de exposición, en tanto que la expresión de  $\gamma$ H2AX se incrementó en todos los tratamientos de manera significativa. Lo anterior indica que la detención del ciclo celular inducido por el tratamiento con vanadio es consecuencia de daño en el ADN el cual es detectado por la proteína H2AX activa. Financiamiento: DGAPA-PAPIIT clave IN210324 y PAPIME PE211323, UNAM.

**TC 50****EVALUACIÓN DE LA HERENCIA DEL TRAUMA EN RATONES Y SU RESPUESTA A LA ACETOFENONA (PROTOCOLO)**

Segura Miranda C.M., Martínez Peregrino B.B., Ramírez Mora E.,  
Hernández Sánchez C.I., Morales Pérez Z., Rodríguez Pérez C.\*

Universidad Juárez Autónoma de Tabasco: División Académica Multidisciplinaria de  
Jalpa de Méndez. Carretera Estatal Libre Villahermosa-Comalcalco, Km. 27+000 s/n  
Ranchería Ribera Alta, C.P. 86205, Jalpa de Méndez, Tabasco.  
202s1033@alumno.ujat.mx

Un evento traumático es un acontecimiento estresante, puede dejar efectos secundarios psicológicos en humanos y animales como depresión y ansiedad. Esto se debe a los cambios en el entorno del individuo, ya sea social o ambiental, causando modificaciones en el estado epigenético que no alteran la estructura del ADN. La metilación regula la expresión de genes, por lo que una hipometilación o hipermetilación provoca una desregulación de la expresión génica. Son relacionadas con un número creciente de enfermedades y trastornos psicológicos. Se han realizado experimentos en ratones sometidos al temor de un determinado olor como la acetofenona para asociarlo al estrés; este trauma fue transmitido hasta su tercera generación, comprobando la relación entre epigenética y herencia del trauma. El objetivo de esta investigación es evaluar la herencia del trauma en ratones expuestos a condiciones traumáticas con el estímulo a la acetofenona y su efecto transgeneracional. Para ello se seleccionarán 2 grupos de ratones, un grupo control (C0) y un grupo de estudio (F0). La generación F0 será condicionada al temor al olor de acetofenona mediante cortas sesiones donde se aplicará un estímulo de dolor punzante a cada ratón mientras se le expone al aroma, el grupo C0 será sometido al mismo estímulo con exposición al olor de propanol. Se reproducirá la generación F1 y C1 a partir de la generación F0 y C0 y se expondrán al aroma de acetofenona y propanol respectivamente a cada grupo para observar su respuesta. Se reproducirá una tercera generación (F2 y C2) a partir de la anterior para exponerlos nuevamente a ambos olores. Se registrarán los datos obtenidos en el programa Excel para después comparar y analizar la presencia de temor o estrés en los grupos controles y de estudio mediante ANOVA. En este trabajo se espera obtener una generación de ratones condicionada al miedo olfativo causado por la exposición a la acetofenona y, al reproducirlos, obtener dos nuevas generaciones que adquieran genéticamente el comportamiento de sus progenitores al detectar presencia de acetofenona en su ambiente, esto en base a que en otros estudios han obtenido resultados similares a los previstos.

TC 51

## **POLIMORFISMOS PATOGENICOS EN LOS GENES DE SUSCEPTIBILIDAD AL CÁNCER DE MAMA (*BRCA-1* Y *BRCA-2*) EN EL GENOMA MEXICANO**

Alday Montañez F.D.<sup>1</sup>, Dickens Terrazas D.<sup>2</sup>, Carrasco Urrutia V.J.<sup>3</sup>, Robles Escajeda E.<sup>4</sup>, Mejía-Carmona G.E.<sup>1</sup>, Martínez Martínez A.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Universidad Autónoma de Ciudad Juárez, Instituto de Ciencias Biomédicas, Departamento de Ciencias Químico Biológicas. Av. Benjamín Franklin no. 4650. Zona PRONAF C.P. 32315. <sup>2</sup>Quiescente Molecular, C. Río Amazonas 4080 Los Nogales CP. 32350. <sup>3</sup>Endofem Av. Campos Elíseos 9371, Campos Elíseos, Consultorio 565, 32472;

<sup>4</sup>University of Texas at El Paso, 500 W University Ave, El Paso, TX 79968; alejandro.martinez@uacj.mx

Los genes de susceptibilidad al cáncer de mama (*BRCA-1* y *BRCA-2*) han sido ampliamente estudiados debido a su correlación con distintas neoplasias de gran importancia en el panorama de la salud pública global, como el cáncer de mama (BC), de ovario (OC) y de próstata. Actualmente, la secuenciación de estos genes es considerada una herramienta para determinar factores de riesgo a estas neoplasias, resultando imprescindible conocer las variantes patogénicas en línea germinal de *BRCA-1* y *BRCA-2* en las distintas poblaciones. En México, esto resulta particularmente importante para generar nuevas estrategias diagnósticas que ayuden a disminuir la mortalidad asociada al BC y OC. Por ello, el objetivo fue la exploración de los polimorfismos patogénicos en la línea germinal de *BRCA-1* y *BRCA-2* en población mexicana. Se realizó un análisis *in silico* que abarcó el genoma reportado (entre 2002 y 2023) en población mexicana o población hispana estadounidense con ascendencia mexicana. Se usaron herramientas de análisis como Ensembl, Genome Data Viewer, dbSNP, ClinVar, BIC, ClinGen y BRCA Exchange. Finalmente, se construyó un mapa génico con las variantes patogénicas para *BRCA-1* y *BRCA-2*, clasificado en SNPs y rearrreglos largos. Un total de 13,547 de genomas fueron encontrados en población hispana y mexicana, incluyéndose únicamente 9,446 individuos en el estudio debido a los criterios de estudio, los cuales se dividieron en 42.94% controles y 57.05% del grupo con cáncer (BC y OC). Se encontraron 514 variantes patogénicas en el gen *BRCA-1* y 184 en el gen *BRCA-2*, destacando la delección de los exones 9-12 del gen *BRCA-1* al estar intrínsecamente relacionada con la población mexicana con efecto fundador. Gracias a este estudio, se identificaron variantes patogénicas en los genes *BRCA-1* y *BRCA-2*, de las cuales destacó la delección del exón 9-12 en *BRCA-1*, que tuvo un efecto fundador. La identificación de estas variantes resulta imprescindible por su potencial como blanco molecular para el desarrollo

de técnicas diagnósticas y de factores de riesgo específicas para población mexicana, similares al Hispanic mutation panel (HISPANEL) que engloba 114 mutaciones de los genes *BRCA-1* y *BRCA-2*, basados en datos de población hispana de Estados Unidos.

TC 52

## **EDICIÓN GENÉTICA DEL GEN ORTÓLOGO *INNER NO OUTER* (*INO*) DE *Annona muricata* L. MEDIANTE EL SISTEMA CRISPR/CAS9**

Arcos Gómez D.A.<sup>1</sup>., Jiménez-Guillen D.<sup>2</sup>, Pech-Uc R.A.<sup>1</sup>,  
Pérez-Pascual D.<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Academia de Ingeniería Biotecnológica. Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Palenque-Instituto Politécnico Nacional. Carretera Palenque-Pakal-Na, Centro. C.P. 29960, Palenque, Chiapas. <sup>2</sup>Facultad Maya de Estudios Agropecuarios, Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera Catazajá-Palenque Km. 4 C.P. 29980, Catazajá, Chiapas, México. \*daniel.pascual@unach.mx; daperezp@ipn.mx

Guanábana (*Annona Muricata* L.) pertenece a la familia de las Annonaceas, es un fruto tropical verde, espinosa y con pulpa blanca y dulce. Es originaria de África tropical y América, en México la guanábana tiene gran importancia económica, es el número uno en producción a nivel mundial teniendo registrando una producción de 34,437 toneladas en 2022. Al ser un fruto codiciado se han realizado una gran cantidad de investigaciones fitoquímicas, que demuestran un amplio espectro de actividades biológicas, donde las más prometedoras son su actividad anticancerígena, antiparasitaria e insecticida, estas actividades son fundamentales para el desarrollo de productos farmacéuticos y agrícolas, además de ser una fuente importante de nutrientes (Carbohidratos, Fibra, Grasas, Proteínas, Fósforo, Potasio, Calcio, Hierro, Vitaminas). Mayormente su comercialización de la pulpa a nivel local es en fresco y la exportación es a través de pulpa sin semillas envasada al vacío con temperaturas de 4 °C y -18 °C para su buena conservación y almacenado. Lo anterior, presenta problemas al momento del despulpado para remover las semillas, como la pérdida de las propiedades organolépticas, nutricionales, pérdida frutal por un mal despulpado. Una posible solución a esta problemática es la obtención de frutos sin semillas. En *Annona squamosa* un pariente cercano de la guanábana se ha reportado una variedad que produce frutos sin semilla, debido a una mutación natural del gen *INO* (*INNER NO OUTER*). Por tanto, el objetivo del presente trabajo es la edición genética del gen ortólogo *INO* de *A. muricata* L. mediante el sistema CRISPR/CAS9. El análisis bioinformático utilizando la base de datos de NCBI (National Center for Biotechnology Information) nos permitió identificar las secuencias de genes ortólogos de gen *INO*, diseñar cebadores degenerados para amplificar por PCR el transcrito del gen *INO* y conocer la secuencia a editar del gen en *Annona muricata* L.

TC 53

## **EVALUACIÓN DE DAÑO GENOTÓXICO POR EXPOSICIÓN A LA BIFENTRINA EN METZTITLÁN HIDALGO EN UN AMBIENTE LABORAL**

Hernández-Lozada A.S., Hernández-Cid L.S., Gaytán-Oyarzun J.C.\*,  
Octavio-Aguilar P.

Laboratorio de Genética evolutiva y ambiental, Centro de Investigaciones Biológicas,  
Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Apdo. Postal 69, C.P. 42001, Pachuca,  
Hidalgo, México.

Las enfermedades transmitidas por vectores de importancia para salud pública son aquellas enfermedades infecciosas propagadas por algunos organismos, como por ejemplo insectos y caracoles, que transportan virus, parásitos y bacterias a humanos. Estas enfermedades representan una alta carga de morbilidad y mortalidad para las personas, sus familias y las comunidades, así como altos costos y sobrecargas de los sistemas de salud de los países. Ante esta situación, el uso de pesticidas y agroquímicos para el control de vectores ha surgido como una alternativa ante la disminución de estos organismos. La utilización de pesticidas representa una situación de peligrosidad dadas las condiciones químicas de los productos empleados, principalmente al sector laboral expuesto. En el Valle del Mezquital, el uso de Bifentrina es utilizada para controlar y/o prevenir las ETV, que representan un importante problema de salud pública en el mundo. Por lo tanto, el objetivo del presente trabajo es evaluar el daño genotóxico por una exposición aguda a la bifentrina, mediante una prueba de micronúcleos en sangre periférica de pez cebra (*Danio rerio*) para fundamentar sus efectos reportados por la OMS. Para ello se realizó una exposición crónica del organismo a una concentración letal media (CL<sub>50</sub>) y dos dosis subtóxicas de bifentrina evaluando por triplicado 500 células, identificando y registrando la frecuencia de aparición de micronúcleos (fMN). En cuanto a los resultados, se observó que el daño genotóxico inducido en el bioensayo evaluado en el presente trabajo, todas las concentraciones evaluadas fueron genotóxicas obteniendo una fMN mayor de 0.25 en la CL<sub>50</sub>, las cuales son capaces de inducir micronúcleos ya sea por daño aneuploidogénico y/o clastogénico, con una relación dosis-respuesta positiva, lo cual concuerda con lo reportado OMS y la US-EPA (2023) en cuanto a su capacidad de daño genotóxico.

TC 54

**TNF- $\alpha$  POSIBLE REGULADOR DE LA EXPRESIÓN DE ACE2 EN EL HÍGADO DE PACIENTES MEXICANOS CON OBESIDAD**

Ocampo Aguilera N.A., Méndez García L.A., Solleiro Villavicencio H.\*

Universidad Autónoma de la Ciudad de México, Campus del Valle. S. Lorenzo 290, Col del Valle Sur, Benito Juárez, 03104 CDMX, CDMX, México. angelic\_opcam@gmail.com

La obesidad es una enfermedad crónica caracterizada por la acumulación anormal o excesiva de grasa, además de presentar inflamación crónica de bajo grado a nivel sistémico y local. Esta representa un factor de riesgo para desarrollar hígado graso no alcohólico (NAFLD), desencadenando procesos exacerbados de esteatosis, inflamación y fibrosis. La regulación de estos procesos se ha vinculado a la enzima convertidora de angiotensina II (ACE2) hepática, la cual, modera genes específicos para la oxidación de lípidos, el estrés oxidativo y la inflamación, lo anterior sugiere que su expresión está asociada con el desarrollo de NAFLD en personas con obesidad. En este trabajo se evaluó la expresión de *ACE2*, *TNF- $\alpha$* , *IL6*, *IL1- $\beta$*  y *MCP-1* en muestras de hígado adquiridos durante la cirugía bariátrica de pacientes con obesidad. Se purificó el ARN y se realizó una RT-qPCR, para las citocinas, adicionalmente se midió la concentración de proteína mediante el inmunoensayo con perlas magnéticas. Se analizó la correlación del ARNm con diferentes parámetros bioquímicos, clínicos y antropométricos. Los resultados demuestran disminución en la expresión génica de *ACE2* en hombres en relación con el grupo de mujeres. Asimismo, se reportó correlación entre *ACE2* con GGT y albúmina. Finalmente, en este trabajo se propone que *TNF- $\alpha$*  es un regulador de la expresión de *ACE2*.

TC 55

**DAÑO GENOTÓXICO EN LAS CÉLULAS DE LA MUCOSA ORAL EN PORTADORES DE RESTAURACIONES CON AMALGAMA DENTAL**

García-Torres E.<sup>1</sup>, Valencia-Quintana R.<sup>2</sup>, Sánchez-Alarcón J.<sup>2</sup>,  
Pérez-Zempoalteca Y.<sup>2</sup>, Pérez-Flores G.A.<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Odontología, Universidad Autónoma de Tlaxcala. México. Rivereña S/N, Centro, 90000 Tlaxcala de Xicohténcatl, Tlax. qcegt2015@gmail.com. <sup>2</sup>Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Facultad de Agrobiología, Universidad Autónoma de Tlaxcala, CA Genética y Ambiente UATLX-CA 223, Ixtacuixtla, Tlaxcala 90120, México. \*guillermo.perezflores@uatx.mx

A pesar del desarrollo de nuevos empastes cosméticos, la amalgama todavía se usa comúnmente, debido a su durabilidad, así como a su bajo costo, disponibilidad y facilidad de uso. Sin embargo, el empleo de la amalgama dental como material de restauración ha sido durante mucho tiempo un tema polémico debido a su componente de mercurio elemental. Está conformada por la aleación de diferentes metales como el estaño, cobre, plata, zinc y, en mayor proporción, mercurio. El mercurio, al igual que otros metales que ingresan a los tejidos del cuerpo, parece tolerarse en niveles bajos. Sin embargo, algunos grupos profesionales y no profesionales sostienen una opinión contraria que aboga por una tolerancia cero para el mercurio elemental inhalado o ingerido. En la cavidad bucal, la exposición crónica al mercurio se ha asociado con daño genético he identifican la amalgama dental como un factor etiológico de afecciones neurológicas como el síndrome de fatiga crónica, la esclerosis múltiple y la enfermedad de Alzheimer resultante de una intoxicación crónica por mercurio. A pesar de ello, las amalgamas siguen siendo utilizadas en el campo de la odontología, lo cual representa un riesgo potencial para las poblaciones. Por ello, el objetivo de este trabajo fue determinar la frecuencia de micronúcleos en células de la mucosa oral con relación a la prevalencia de restauraciones con amalgama dental en el individuo. La muestra de estudio se conformó de 53 participantes (26 sin amalgamas y 27 con amalgamas en al menos un órgano dentario), los cuales firmaron un consentimiento informado de acuerdo con la Declaración de Helsinki. Se realizó un raspado de la parte interna de cada mejilla y se elaboraron al menos dos laminillas por individuo. La tinción se realizó con Hematoxilina-Eosina. La frecuencia de micronúcleos se cuantificó en 3000 células (1500 por laminilla). Después del análisis estadístico con la prueba no-paramétrica de U de Mann Whitney, los resultados muestran un incremento significativo de la frecuencia de MN en los participantes que presentan amalgamas en comparación con el grupo testigo. En conclusión, las amalgamas utilizadas en las

restauraciones dentales representan un factor de riesgo asociado al daño genotóxico.

TC 56

**MONITOREO DEL POTENCIAL GENOTÓXICO DEL ÁCIDO ESCAMÓNICO, CANDIDATO POTENCIAL PARA EL TRATAMIENTO DE LA AMILOIDOSIS EN LA ENFERMEDAD DE ALZHEIMER, EN DIFERENTES ÓRGANOS DE RATAS WISTAR**

Sánchez-Alarcón J.<sup>1</sup>, Sánchez Barbosa T.<sup>2</sup>, Ruiz-Sánchez E.<sup>3</sup>, Campos-Peña V.<sup>4\*</sup>, Rodríguez-Tlatelpa L.C.<sup>1</sup>, Valencia-Quintana R.<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Red Temática de Toxicología de Plaguicidas, CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223.

<sup>2</sup>Centro de Investigación y de Estudios Avanzados, Departamento de Biomedicina Molecular, Programa de Doctorado. <sup>3</sup>Laboratorio de Neuroquímica, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, Manuel Velasco Suárez, México City 14269, México.

<sup>4</sup>Laboratorio Experimental de Enfermedades Neurodegenerativas, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía, Manuel Velasco Suárez, México City 14269, México.

\*prvq2004@yahoo.com.mx

La enfermedad de Alzheimer (EA) es la principal causa de demencia, se caracteriza por la pérdida progresiva de la memoria. Su principal factor de riesgo es la edad avanzada, es la sexta causa de muerte en el mundo, lo que la ha convertido en un verdadero reto para el sistema de salud. Se ha propuesto que su desarrollo, es el resultado de la acumulación del péptido amiloide- $\beta$  (A $\beta$ ) en el cerebro, lo que conduce a la toxicidad y muerte neuronal, por lo que el A $\beta$  pudiera ser un blanco prometedor para su tratamiento. Existen diversos modelos animales para el estudio de la EA, de los cuales, la inyección intracerebral del A $\beta$ , es considerado un buen modelo de neurotoxicidad y neuroinflamación. Resultados preliminares, han demostrado el efecto neuroprotector y antiinflamatorio del ácido escamónico (AE) extraído de *Ipomoea tyrianthina*, en este modelo animal. En este trabajo, determinamos los posibles efectos secundarios del AE, como el daño genético potencial. El estudio se realizó en ratas macho de la cepa Wistar con un peso aproximado de 250 g. Los animales fueron mantenidos en cajas de policarbonato en condiciones de temperatura y humedad adecuadas, bajo un ciclo de luz-oscuridad invertido de 12 horas x 12 horas, con agua y alimento *ad libitum*. Se formaron 4 lotes experimentales: al grupo 1 se le aplicó PBS i.p. cada 24 horas durante 3 días; al grupo 2 ácido escamónico i.p., cada 24 horas por 3 días; al grupo 3 ácido escamónico i.p., dosis única; y al grupo 4 PBS i.p., dosis única. Para determinar el daño genotóxico se empleó el ensayo cometa alcalino en diferentes órganos (cerebro, hígado, riñón, músculo, intestino y sangre). Los resultados encontrados no mostraron diferencias significativas en ninguno de los órganos evaluados, por lo que se concluye que el AE no implica un riesgo genotóxico a las dosis terapéuticas

evaluadas y sugiere su potencial uso terapéutico para el tratamiento de la amiloidosis presente en la EA y otras amiloidopatías.

TC 57

## MONITOREO DEL POTENCIAL GENOTÓXICO DE LOS RÍOS BRIONES Y NEGROS EN CHIAUTEMPAN, TLAXCALA

Ahuactzi-Cortes H.<sup>1</sup>, Sánchez-Alarcón J.<sup>1,2</sup>, Serrano-Nava D.<sup>1</sup>,  
Ramírez Flores J.A.<sup>1</sup>, Flores-García Y.<sup>2</sup>, Gregorio-Jorge J.<sup>1,3</sup>,  
Valencia-Quintana R.<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Maestría en Ciencias en Gestión Integral de Cuencas Hidrográficas. <sup>2</sup>Laboratorio "Rafael Villalobos-Pietrini" de Toxicología Genómica y Química Ambiental, Red Temática de Gestión de la Calidad y Disponibilidad del Agua. CA Ambiente y Genética UATLX-CA-223. Facultad de Agrobiología. Universidad Autónoma de Tlaxcala, Km 10.5 Autopista San Martín-Tlaxcala, Ixtacuixtla de Mariano Matamoros, Tlaxcala, C.P. 90120 México. <sup>3</sup>Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología-Comisión Nacional del Agua. Av. Insurgentes Sur 1582, Col. Crédito Constructor, Del. Benito Juárez, 03940, CDMX, México. \*prvq2004@yahoo.commx

Los ríos han sido una de las principales fuentes de agua potable para la humanidad; sin embargo, su contaminación ha ido en aumento debido al vertido de aguas residuales industriales, agrícolas y urbanas. Éstas contienen grandes cantidades de residuos, capaces de formar mezclas complejas de sustancias tóxicas para la salud ambiental y humana. Es por ello, que resulta imprescindible realizar monitoreos sistemáticos acerca de su calidad, así como de los posibles riesgos asociados con su exposición. Por lo que, el objetivo de la presente investigación fue realizar un análisis del potencial genotóxico de los ríos Briones y Negros de Chiautempan, Tlaxcala, utilizando como biomarcador de daño la frecuencia de micronúcleos (MN), así como el índice mitótico (IM) en las células meristemáticas de la raíz de *Vicia faba*. Para ello, de cada río se colectaron 3 muestras de agua y sedimentos a lo largo del cauce alto, medio y bajo, de igual forma en la zona de confluencia de ambos ríos. Posteriormente, semillas de haba se germinaron entre 2 capas de algodón húmedo a 20 °C, en cuanto la raíz principal midió de 2-3 cm, se expusieron a las diferentes muestras de agua y sedimentos con su respectivo testigo negativo (agua destilada) durante 4 h, con 18 y 44 horas de recuperación posteriormente los meristemas se cortaron y fijaron en metanol-ácido acético (3:1). Se realizó la tinción de Feulgen y las laminillas se hicieron permanentes. La observación se llevó a cabo en un microscopio Olympus a 40X analizando 1000 células en interfase y registrando la presencia de MN, además de células en división (mitosis), para determinar el IM. El análisis estadístico se llevó a cabo con el programa GraphPad Prism 10.0. mediante la prueba de Kruskal-Wallis seguido de una comparación múltiple de Dunn's. Los incrementos en la frecuencia de MN y alteraciones en el IM en las zonas más bajas del cauce de cada río y en la zona de confluencia fueron significativos. Se concluye

que las muestras estudiadas presentan agentes desconocidos capaces de dañar el material genético y de alterar el IM.