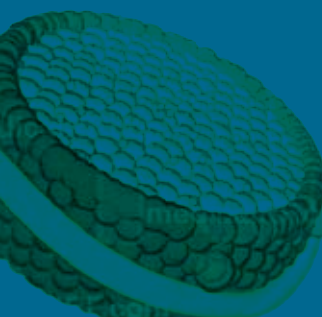




# Genómicas

Boletín cuatrimestral del Posgrado en Ciencias Genómicas *hoj* UACM



**EDITORIAL** *pág. 1*

**NOVENA FERIA de Posgrados de CONACYT** *pág. 1*

**Nuestros Investigadores** *pág. 3*

**Publicaciones del Posgrado** *pág. 4*

**De nuestros colaboradores: La Babesiosis Bovina en México** *pág. 5*

**PROTEÓMICA: el paso siguiente** *pág. 7*

**¿Qué son y para qué sirven los microarreglos de ADN?** *pág. 9*

**PRESENTACIÓN DEL LIBRO: Así estamos hechos... ¿Cómo somos?** *pág. 11*

**Noticias del Mundo de la Ciencia** *pág. 12*

**Trabajos en investigación genómica  
expuestos en congresos internacionales** *pág. 15*

**NOTA DE LA BBC DE LONDRES** *pág. 17*

**Inscripciones para el Posgrado** *pág. 16*

**El arte y la ciencia en la perspectiva** *pág. 19*

**Graduados** *pág. 21*

PLANTA ACADÉMICA

Dra. Esther Orozco O.  
**Fundadora del Posgrado**

Dra. Rossana Arroyo V.  
**Coordinadora del Posgrado**

Dra. Elizabeth Álvarez  
Dra. Elisa Azuara  
Dra. Minerva Camacho  
Dr. Mauricio Castañón  
Dra. Sara Frías  
Dr. César López  
Dr. Humberto Nicolini  
Dr. José de Jesús Olivares  
Dra. Martha Yocupicio  
Dra. Selene Zárate Guerra

RESPONSABLE DE LA EDICIÓN DE ESTE NÚMERO

Dra. Elizabeth Álvarez



**Posgrado en Ciencias Genómicas**  
Universidad Autónoma de la Ciudad de México  
PLANTEL DEL VALLE

Avenida San Lorenzo 290, Colonia Del Valle  
Delegación Benito Juárez, C.P. 03100, Ciudad de México  
5488 6661 ext. 5352  
<http://www.uacm.edu.mx/genomicas>  
[genomicas\\_ucm@yahoo.com.mx](mailto:genomicas_ucm@yahoo.com.mx)

Publicación cuatrimestral, 2500 ejemplares.

La **Universidad Autónoma de la Ciudad de México (UACM)** tiene el agrado de presentar el órgano de difusión del quehacer científico del Posgrado en Ciencias Genómicas.

## Editorial

El **Posgrado en Ciencias Genómicas** tiene como objetivos primordiales la formación de investigadores en el área de genómica, proteómica y biomedicina molecular, que cumplan la misión de detectar problemas de salud pública para formular y plantear proyectos de investigación que den respuesta a los mismos. La difusión del conocimiento constituye de manera conjunta una actividad primordial en la vida académica de nuestra Universidad. En nuestro Posgrado, la generación de conocimiento representa un ejercicio inherente a la formación académica de los jóvenes científicos y del trabajo diario de los profesores que realizan sus proyectos de investigación.

En este contexto, una estrategia inicial de difusión de las actividades científicas del **Posgrado en Ciencias Genómicas** lo constituye la publicación de este noticiario que se erige como un vehículo de comunicación y discusión de temas científicos y que esperamos sea de interés general de la comunidad universitaria.

## Presencia del PCG-UACM en la *Novena Feria de Posgrados de Conacyt*



La Novena Feria Nacional de Posgrados de Conacyt se realizó los días 12 y 13 de abril en el World Trade Center en la Ciudad de México, el día 15 de abril en Tepic, Nayarit y el 17 de abril en Ciudad Juárez, Chihuahua. En la Feria participaron aproximadamente 100 Instituciones de educación superior con alrededor de 900 Posgrados y un total de 10 250 asistentes en las diferentes sedes.



resto de los Posgrados de la UACM, fundamentalmente del área de humanidades y sociales.



Como experiencia de la participación en la feria y como resultado de la interacción con los Posgrados de otras instituciones sugerimos las siguientes opciones para la futura participación de la UACM en este tipo de eventos:

Del Posgrado en Ciencias Genómicas participaron los nueve profesores de tiempo completo, 7 se distribuyeron en los dos días en el Distrito federal y 2 participaron en el interior de la República. Los profesores del PCG trabajaron intensamente en la preparación e impresión de la propaganda que se presentó en la Feria y que consistió en: 2 lonas de divulgación de la Maestría en Ciencias Genómicas, posters de divulgación de la Maestría y de la más reciente convocatoria del PCG, la gaceta del PCG, *Genómicas hoy*, los dípticos y el plan de estudios de la Maestría, fotos de las instalaciones del PCG así como folletos de difusión donde se describen las líneas y proyectos de investigación del Posgrado, desarrollados por los diferentes profesores del PCG. Durante el evento se entregaron aproximadamente 2000 ejemplares. Por otra parte en Ciudad Juárez se concedió una entrevista a la emisora de radio Universidad.

Consideramos que los resultados de la feria son positivos pues permitió la difusión no sólo del Posgrado en Ciencias Genómicas sino también de la UACM, así como la interacción con Posgrados de diferentes instituciones y con estudiantes de múltiples universidades. Tanto los asistentes como los expositores mostraron gran interés en la Maestría y el Doctorado en Ciencias Genómicas así como en el

- Ampliar la divulgación y propaganda escrita de la UACM en general y de todas las ofertas de Posgrado de la Universidad en posters, dípticos, lonas, etc.
- Que se realice por parte del área de difusión de la UACM un cortometraje con las instalaciones y ofertas académicas de Posgrado de la Universidad.
- Implementar un formato de registro donde se plasmen los datos de contacto con los interesados
- Actualizar la página web de la UACM donde haya una liga que conecte directamente a toda la oferta de Posgrados de la Universidad.





# NUESTROS INVESTIGADORES

---

**Dr. César López-Camarillo**

PROFESOR INVESTIGADOR DEL POSGRADO EN CIENCIAS GENÓMICAS

---

En el año 2003 terminó sus estudios de Doctorado en el Programa Institucional en Biomedicina Molecular de la Escuela Nacional de Medicina y Homeopatía del IPN.

Desde agosto de 2003, se desempeña como Profesor Investigador de tiempo completo en el Posgrado en Ciencias Genómicas de la UACM. El trabajo docente que realiza en la UACM corresponde a la coordinación e impartición de los cursos de Bioinformática y Genómica a nivel Posgrado, así como la tutoría y asesoría de estudiantes de Maestría y Doctorado de tiempo completo que participan en la realización de proyectos de investigación específicos. Ha participado en la dirección y asesoría de 9 estudiantes graduados de Maestría y tiene 7 alumnos en proceso de obtención del grado. Actualmente ha graduado un estudiante de Doctorado en Ciencias Genómicas de la UACM y co-dirige a otros 7 alumnos de Doctorado.

El Dr. César López-Camarillo es autor de 20 artículos internacionales de investigación, 2 capítulos en libros internacionales y 3 capítulos nacionales. Ha participado con alrededor de 40 resúmenes originales en congresos y simposios. Algunas de sus distinciones académicas incluyen la Mención Honorífica en el examen para obtención del título de Doctor en Ciencias en la ENMyH-IPN, el Premio Lola e Igo Flisser-OUIS UNAM a la mejor tesis Doctoral en el área de Parasitología, recibiendo mención honorífica y es miembro del Sistema Nacional de Investigadores Nivel I. Ha participado en diversos comités editoriales y evaluadores que incluyen, Comité evaluador de los Proyectos "Creadores Jóvenes" del Instituto de

Ciencia y Tecnología del DF, Evaluador Acreditado de Proyectos CONACyT (RCEA) desde 2006 a la fecha, Pre-Evaluador del Programa Nacional de Posgrados de Calidad (PNPC) del CONACyT 2008 y es miembro del comité revisor de la revista *Experimental Parasitology* desde el año 2005, entre otras. Ha realizado estancias de investigación en el Instituto Pasteur de Paris, Francia y tiene colaboraciones con grupos de científicos del CINVESTAV-IPN, la ENMyH-IPN, el Centro Médico Siglo XXI, la fundación de cáncer de mama FUCAM y del Instituto Pasteur de Francia.

Las líneas de investigación que realiza en los laboratorios del Posgrado en Ciencias Genómicas involucran el uso de metodologías de Biología Molecular y Celular, Bioquímica, Genómica, Proteómica y Bioinformática y tienen como objetivo caracterizar genes y proteínas importantes en la reparación del DNA y en la regulación de la expresión génica en *E. histolytica*, el parásito causante de la amibiasis humana, además de evaluar su relación con la virulencia. Este proyecto cuenta además de la aprobación de la UACM, con el apoyo externo del CONACyT. Recientemente, como resultado del apoyo externo obtenido por el ICYT-DF, y en colaboración con la Dra. Elizabeth Álvarez, la Dra. Minerva Camacho y la Dra. Elisa Azuara de la UACM, del Dr. Juan Pedro Luna del CINVESTAV y del Dr. Sergio Cuevas del FUCAM, ha iniciado el estudio proteómico del cáncer de mama en líneas celulares y en muestras de

pacientes mexicanas con la finalidad de encontrar proteínas que se expresen de manera diferencial y puedan servir como biomarcadores con valor pronóstico.

También está estudiando el papel de proteínas que resguardan la integridad del genoma en la progresión del cáncer de mama.

### Líneas de Investigación del grupo del Dr. César López-Camarillo:

1. Genómica comparativa y análisis funcional de los mecanismos de recombinación genética homóloga y reparación del DNA en respuesta al daño del DNA en *E. histolytica*. Proyecto CONACYT #54085.

2. Genómica comparativa y análisis funcional de las helicasas de RNA de la familia DEAD-DEx/H-box de

*E. histolytica*.

3. Análisis molecular de la maquinaria de procesamiento del 3' UTR del pre-mRNA y mecanismos de degradación del RNAm en *E. histolytica*.

4. Búsqueda de nuevos marcadores moleculares con potencial valor pronostico en cáncer de mama mediante el análisis de perfiles proteómicos. Proyecto apoyado por el ICYT-DF 2008-2009.



El Dr. César López-Camarillo con algunas estudiantes del grupo de investigación



## PUBLICACIONES CIENTÍFICAS representativas del Posgrado

LA PUBLICACIÓN DE ARTÍCULOS DE INVESTIGACIÓN BÁSICA Y APLICADA EN REVISTAS INTERNACIONALES CON ARBITRAJE ESTRICTO, CONSTITUYE UN INDICADOR DE LA CALIDAD E IMPACTO DE LOS PROYECTOS REALIZADOS EN EL PCG. DESDE SUS INICIOS EN EL AÑO 2003, EL POSGRADO HA PRODUCIDO ALREDEDOR DE 60 PUBLICACIONES CIENTÍFICAS.



• Kosakovsky Pond SL, Poon AF, **Zárate S**, Smith DM, Little SJ, Pillai SK, Ellis RJ, Wong JK, Leigh Brown AJ, Richman DD, Frost SD. Estimating selection pressures on HIV-1 using phylogenetic likelihood models. 2008. *Stat. Med.* In press.



• Juan J. Bolívar, Dagoberto Tapia, Gabina Arenas, **Mauricio Castañón-Arreola**, Haydee Torres and Elvira Galarraga. A hyperpolarization-activated, cyclic nucle-

otide-gated, cationic current and HCN gene expression in renal inner medullary collecting duct cells. 2008. *Am J Physiol Cell Physiol.* 294:C893-C906.



• **César López-Camarillo**, María de la Luz García-Hernández, Laurence A. Marchat, Juan P. Luna-Arias, Leobardo Mendoza, Olga Hernandez, and Esther Orozco. *Entamoeba histolytica* EhDEAD1 is a conserved DEAD-box RNA helicase with ATPase and ATP-dependent RNA unwinding activities. 2008. *Gene.* 414, 19-31.



• **Mavil López-Casamichana**, Esther Orozco, Laurence A. Marchat, **César López-Camarillo**. Transcriptional profile of the homologous recombination machinery and characterization of the EhRAD51 recombinase in response to DNA damage in *Entamoeba histolytica*. 2008. *BMC Molecular Biology*.



• **Alvarez-Sánchez ME**, Carvajal-Gamez, B. I., Solano-González, E., Martínez-Benitez, M., García, F. A., Alderete, J. F., and Arroyo, R. Polyamine depletion down-regulates expression of the *Trichomonas vaginalis* cytotoxic CP65, a 65 kDa cysteine proteinase involved

in cellular damage. 2008. *The International Journal of Biochemistry & Cell Biology*. May 27.

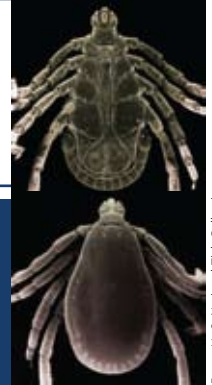


• Wang S, Ray N, Rojas W, Parra MV, Bedoya G, Gallo C, Poletti G, Mazzotti G, Hill K, Hurtado AM, Camarena B, **Nicolini H**, et al. Geographic patterns of genome admixture in Latin American Mestizos. 2008. *PLoS Genet*. :e1000037.

• Walss-Bass C, Soto-Bernardini MC, Johnson-Pais T, Leach RJ, Ontiveros A, **Nicolini H**, et al. Methionine sulfoxide reductase: A novel schizophrenia candidate gene. 2008. *Am J Med Genet B Neuropsychiatr Genet*. May 27.

## DE NUESTROS COLABORADORES: La Babesiosis Bovina en México

LA BABESIOSIS BOVINA ES UNA ENFERMEDAD CAUSADA POR PROTOZOARIOS QUE INFECTAN LAS CÉLULAS SANGUÍNEAS DE LOS BOVINOS, Y QUE ES TRASMITIDA POR GARRAPATAS DEL GÉNERO *RHIPICEPHALUS*.



Fotos: U. S. National Tick Collection

En México existen dos especies: *Babesia bovis* y *Babesia bigemina*, siendo la primera más virulenta que la segunda. Esta enfermedad fue reportada por primera vez en el país en 1905 y se cree que fue traída junto con los bovinos por los españoles durante la conquista. Es una enfermedad de las regiones tropicales y subtropicales del mundo, y en México se restringe a esas áreas ocupando el 51.5% del territorio nacional.

Cuando garrapatas infectadas se alimentan de sangre del ganado bovino, le transmiten las formas infectivas de la babesia que causan la enfermedad. Los primeros signos clínicos que se observan ocurren a los siete días después de la transmisión y son la fiebre por varios días, la pérdida del apetito y la letargia. Posteriormente se presenta anemia y la hemoglobiuria, una condición en la que la orina se observa de

color rojo oscuro. Si el ganado no recibe tratamiento oportuno se presentan signos nerviosos, respiración agitada y en muchos casos, la muerte. Aunque el costo ocasionado por la presencia de la garrapata y las enfermedades transmitidas por ella no ha sido estimado recientemente, en 1975 éste fue de alrededor de 186 millones de dólares, muchos de los cuales son atribuidos a las pérdidas en la producción de carne y leche.

Actualmente las únicas vacunas efectivas contra la babesiosis bovina son a base de parásitos vivos atenuados, que al ser inoculados en los bovinos no causan enfermedad pero sí confieren protección duradera. Sin embargo, estas vacunas vivas tienen muchos inconvenientes como una corta vida media, la posibilidad de transmitir agentes infecciosos como virus y priones y un costo de producción muy caro.

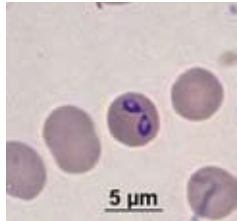
Estas razones han motivado a los investigadores a utilizar herramientas de genómica y proteómica para desarrollar vacunas mejoradas que no tengan los inconvenientes de las vacunas actuales.

Con la reciente secuenciación del genoma completo de *Babesia bovis*, esta meta es cada día más cercana. Actualmente el Posgrado en Ciencias Genómicas de la Universidad Au-

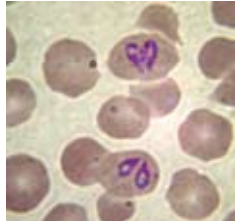
**(...) [EL COSTO] EN 1975 FUE DE ALREDEDOR DE 186 MILLONES DE DÓLARES (...)**

tónoma de la Ciudad de México, realiza investigaciones sobre esta enfermedad y busca alternativas que impidan la transmisión de la babesia por las garrapatas, utilizando estrategias

novedosas de genómica y proteómica a través de convenios de colaboración con la Universidad Autónoma de Querétaro, el INIFAP y la Universidad Estatal de Washington y así contribuir al desarrollo de la ganadería mexicana y a la formación de profesionistas con posgrado de reconocido prestigio y calidad.



Eritrocito de bovino infectado con *Babesia bovis* (x 100). Tinción de Giemsa.



Eritrocitos de bovino infectados con *Babesia bigemina* (x 100). Tinción de Giemsa

**El Dr. Juan Joel Mosqueda Gualito es profesor de tiempo completo de la Facultad de Ciencias Naturales de la Universidad Autónoma de Querétaro, donde imparte las materias de bioquímica e inmunología a los estudiantes de la carrera de medicina veterinaria y zootecnia.**



## PRIMERA DOCTORA EN CIENCIAS graduada en la UACM



**EL PASADO 12 DE JUNIO, LA M. EN C. MAVIL LÓPEZ CASAMICHANA PRESENTÓ SU EXAMEN QUE LE PERMITIÓ OBTENER EL GRADO DE DOCTORA EN CIENCIAS GENÓMICAS.**

La estudiante presentó los resultados de su proyecto de investigación titulado "Identificación de la maquinaria de reparación del DNA por recombinación homóloga en *Entamoeba histolytica* y caracterización de la recombinasa EhRAD51", el cual desarrollo durante su estudios de Posgrado bajo la dirección del Dr. César López Camarillo.

*Entamoeba histolytica* es el parásito protozoario causante de la amibiasis humana y se estima que infecta alrededor de 50,000,000 de personas en el mundo produciendo aproximadamente 100,000 muertes anuales debido a la producción de abscesos intestinales y hepáticos en los pacientes. Los resultados

obtenidos por la Dra. Mavil López fueron publicados en 2 revistas científicas internacionales con arbitraje estricto. Este trabajo nos podría ayudar a entender los mecanismos de recombinación genética y su relación con la virulencia de este microorganismo.

La Dra. Mavil López Casamichana es el primer estudiante de Posgrado en recibir el grado de Doctor en Ciencias en nuestra Universidad, lo cual representa un logro académico importante y pone de manifiesto las acertadas políticas de apoyo a la Investigación y fortalecimiento de los Posgrados de nuestra Institución.



# PROTEÓMICA:

Hace algunos años, el estudio de los genes y las proteínas se realizaba considerándolos como entidades simples. Sin embargo, los avances científicos y tecnológicos de finales del siglo XX han permitido el desarrollo de nuevas disciplinas, como la Proteómica, cuyo principal objetivo es el estudio de la organización y la medición a varios niveles celulares de los cambios temporales en la abundancia relativa de proteínas, en respuesta a condiciones definidas, cambios ambientales o estadios de desarrollo.

El paso del estudio global de los genes al estudio de las proteínas, dio origen a la Proteómica. Esta disciplina estudia en detalle la identificación, los patrones de expresión, estructura, función celular y bioquímica de todas las proteínas, así como la interrelación de las proteínas con otras proteínas y con los demás componentes vitales de la célula (DNA, RNA, metabolitos, etc.).

La proteómica hace posible el estudio simultáneo de un gran número de proteínas, lo que ha permitido dejar de estudiar a las proteínas como entidades aisladas. Ahora, las proteínas son estudiadas como parte de una compleja red de la célula (procarionota o eucariota), la cual regula su expresi-

## *El paso siguiente*

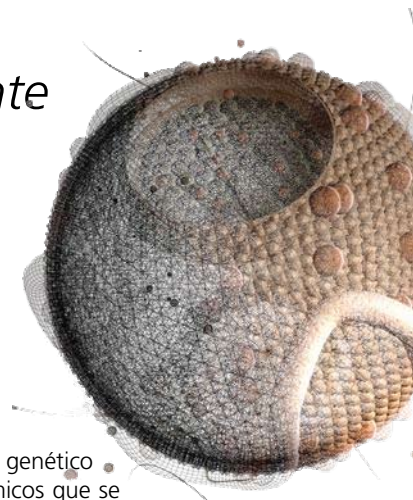
sión al ejecutar un programa genético en respuesta a cambios dinámicos que se traducen en cambios en el fenotipo, en la fisiología o en el desarrollo mismo de la célula.

En la última década se ha visto un incremento significativo en los estudios proteómicos, debido a que el conocimiento de los genomas resulta insuficiente para entender la compleja organización, estructura y funcionamiento de los seres vivos y, además de que el proteoma es el producto final de la expresión de un genoma.

Dada su íntima relación con la Genómica, la proteómica ha visto su mayor desarrollo en los estudios proteómicos de bacterias, debido a que se cuenta con más de 50 genomas secuenciados, son fáciles de manipular y se puede tener una gran cantidad de estos microorganismos en el laboratorio.

Después de la secuenciación del genoma humano, la atención se ha centrado en los productos para los cuales codifican los ~30,000 genes identificados en él. Sin embargo, la interpretación Proteómica del genoma humano es más compleja, si consideramos las modificaciones postranscripcionales, el ensamblaje alternativo de exones y las modificaciones postraduccionales. El estudio del proteoma de las células y los tejidos es fundamental, ya que las proteínas son las responsables de la diversidad funcional de la célula y de realizar un sinnúmero de funciones biológicas cuyos procesos de regulación son importantes para entender procesos como las enfermedades y la susceptibilidad a ellas.

En 1994 Mark Wilkins comenzó a utilizar el término Proteómica, para referirse al complemento proteico de un genoma. En



la actualidad la Proteómica se define como el estudio a gran escala de la expresión, estructura y función de las proteínas, para obtener una visión integral y global de los procesos y redes celulares a nivel de las proteínas”.

Si bien el término proteómica fue acuñado en la última década del siglo XX, en 1975 O’Farrell describió una de las principales herramientas empleada en el estudio de los proteomas, la electroforesis en dos dimensiones. La electroforesis en dos dimensiones se basa en la separación de proteínas por su carga y peso. Esta técnica permite resolver (separar) más de mil proteínas en un mismo gel, primero en una delgada tira de gel en la cual, las proteínas se separan por su carga (punto isoeléctrico) y después, colocando esta tira sobre un gel para separar a las proteínas por su peso. Posteriormente las proteínas pueden ser cortadas de estos gels para su identificación, generalmente por espectrometría de masas. Esta técnica permite separar a las proteínas que conforman un microorganismo, célula o tejido y definir las diferencias en la expresión de proteínas bajo diferentes condiciones o estadios.

La proteómica es posible gracias al desarrollo tecnológico que han alcanzado la electroforesis en dos dimensiones, la identificación de proteínas y la bioinformática. La identificación de proteínas por espectrometría de masas ha revolucionado el campo de la proteómica ya que gracias a esta herramienta se pueden identificar miles de proteínas rápidamente.

La identificación de proteínas a través de la secuenciación de algunos de sus péptidos por espectrometría de masas, ha facilitado la generación de bases de datos proteómicas. La más importante de ellas fue creada en Europa en 1986 (Swiss-Prot). En ella se puede consultar información relacionada a la proteína de interés, ligada a otras bases de datos de acceso libre [Protein Information Resource (PIR), Protein Research Foundation (PRF), Protein Data Bank (PDB), PubMed, GeneBank], etc.

Día a día estas técnicas y herramientas se perfeccionan para incrementar la sensibilidad de detección y la capacidad de análisis; lo cual, incrementa la información disponible para el desarrollo de bases de datos y plataformas bioinformáticas que permiten realizar estudios más complejos y proponer modelos de sistemas biológicos que nos den una mejor interpretación de la regulación Genómica y Proteómica en diferentes niveles de organización celular. Estas herramientas también nos ayudan a entender y predecir la función de las proteínas, como se expresan y como se regulan en un organismo.

### **La Proteómica tiene tres principales áreas de investigación:**

#### **a) Proteómica Estructural.**

Es la caracterización e identificación a gran escala de las proteínas de una célula u organismo. Tiene como objetivo la elaboración de los proteomas, a partir del análisis de todas las proteínas presentes en una célula u organelo con la finalidad de conocer la ubicación y la función de las proteínas que lo conforman.

#### **b) Proteómica de la Expresión.**

Es la comparación de la expresión diferencial proteica. Está encaminada a la identificación de proteínas expresadas diferencialmente por una misma célula entre dos condiciones definidas (temperatura, pH, tiempo, salud-enfermedad, etc.), a fin de identificar marcadores específicos para cada una de las condiciones.

#### **c) Proteómica Funcional.**

Es un tipo de análisis en el que se trabaja con complejos multi-proteicos que forman parte de una red y participan en ella a través de una gran variedad de interacciones proteína-proteína o de modificaciones postraduccionales.

Mediante la Proteómica se pueden detectar alteraciones en la expresión de cientos de proteínas, algunas de las cuales pueden ser utilizadas como marcadores de enfermedad (ej. cáncer). De la misma forma, la Proteómica es de gran utilidad en la búsqueda de proteínas reconocidas por el suero de los pacientes que cursan algún proceso infeccioso, como la Tuberculosis y el Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS por sus siglas en inglés).



Uno de los objetivos de la genómica estructural es la de descubrir la secuencia completa del genoma o material genético de un organismo.

# ¿QUÉ SON Y PARA QUÉ SIRVEN LOS MICROARREGLOS DE ADN?

La genómica funcional se enfrenta al reto de definir como se expresan los genes y entender las funciones de las proteínas codificadas por dichos genes. El análisis mediante microarreglos de ADN permite determinar de manera simultánea el patrón de expresión de cientos o miles de genes de un organismo. Los microarreglos de ADN son dispositivos en los que secuencias de ADN correspondientes a genes específicos, se encuentran unidas de manera ordenada a una superficie de vidrio. El tamaño de estos dispositivos es en general de 24 x 76 x 0.94 mm (similar a un portaobjetos estándar para microscopio). Cada fragmento de ADN es depositado en forma de un punto o "spot" microscópico de unos 300  $\mu\text{m}$  para las laminillas de vidrio estándar. Los microarreglos son construidos mediante el uso de un robot que utiliza puntas de acero microscópicas para depositar las muestras de ADN sobre la laminilla de vidrio, formando de esta manera los puntos. La unión del ADN al vidrio tiene que ser covalente para que quede fijo al soporte y no se despegue en los lavados. Cada laminilla puede contener hasta 30,000 puntos de genes individuales o duplicados. Las sondas para un gen específico y que son depositadas en la laminilla, son fragmentos de ADN obtenidos mediante amplificación por PCR o bien pueden ser oligonucleótidos sintéticos.



El procedimiento básico para utilizar los microarreglos se realiza en cinco etapas: 1) preparación de las sondas de ADN de secuencia conocida e inmovilización en la superficie de vidrio, 2) hibridación de las sondas con las moléculas de ARN provenientes del organismo de interés, 3) lavados del microarreglo hibridado, 4) adquisición de imágenes y 5) análisis estadístico de los datos. El método se basa en la hibridación del

ADN presente en cada depósito con las moléculas de ADN complementario (ADNc) sintetizado a partir del ARN de interés. Las moléculas de ADNc se marcan previamente con radioactividad o con fluorescencia. La hibridación se lleva a cabo mediante apareamiento canónico de bases y la formación de un dúplex ADN-ADNc tipo Watson-Crick. Posteriormente, se realizan lavados de la superficie del microarreglo que ayudan a eliminar las moléculas de ADNc que se unen al ADN de manera inespecífica. La hibridación específica ADN-ADNc se hace evidente mediante la emisión de señal fluorescente o radiactiva de cada punto. La importancia cuantitativa del experimento radica en el hecho de que la cantidad de ARN que hibrida en cada punto es proporcional a la abundancia del transcrito en la muestra biológica. Por lo que, los cambios en la abundancia de los transcritos pueden estimarse a partir del aumento o disminución en la intensidad de fluorescencia o radioactividad. Este cambio es conocido como relación y puede ser relativo a la señal obtenida en una muestra control o de referencia, comparado con la muestra a examinar (por ejemplo en diferentes condiciones experimentales o al comparar células normales contra anormales). De esta mane-

ra, podemos obtener el perfil de expresión génica global o transcriptoma de un microorganismo o célula en particular y definir cuales genes aumentan o disminuyen su expresión en una condición experimental específica. Sin embargo es necesario tomar en cuenta que la implementación de los microarreglos en el laboratorio constituye un proceso complicado y laborioso debido a que existen diversas fuentes de variabilidad entre cada experimento, lo cual se debe tener en cuenta al iniciar el experimento. Esto hace obligatorio la necesidad de repetir el experimento varias veces para obtener reproducibilidad y conclusiones más solidas.

## Aplicaciones de la tecnología de microarreglos de ADN

Existen diversas aplicaciones que se le pueden dar al uso de la tecnología de microarreglos, algunos de los cuales se enlistan a continuación.

**1) Cuantificación de la abundancia de transcritos.** Constituye una de las principales herramientas en el análisis del transcriptoma, la cual puede ser aplicada a nivel básico, así como en la medicina y la biotecnología. Este tipo de estudios permiten a los investigadores evaluar diferencias en los patrones de expresión entre individuos, poblaciones y especies, o bien bajo diversas condiciones de laboratorio. Por ejemplo, la cuantificación de la expresión génica a nivel global permite evaluar cómo un tratamiento puede afectar un tejido u organismo; o bien como una población de individuos enfermos responde a los fármacos.

**2) Descubrimiento de nuevos genes.** Se refiere a la identificación de nuevos genes los cuales deben ser transcritos bajo diversas condiciones, pero no en otras, lo cual significa que su expresión es requerida o al menos contribuye en las diferencias biológicas entre las condiciones evaluadas. Por ejemplo, la determinación de genes cuya expresión varía en condiciones de enfermedad, tales como el aumento de la expresión de oncogenes en diversos tipos de cáncer, nos permite inferir que son importantes en la patología.

**3) Anotación funcional del genoma.** La asociación de la expresión del mRNA de nuevos genes que codifican proteínas con funciones desconocidas y que son coregulados con productos génicos conocidos, nos permite predecir su función. Por ejemplo, el análisis mediante microarreglos de ADN del transcriptoma de levaduras crecidas en bajas condiciones de oxígeno, revelará los genes nuevos y conocidos que cambian su expresión y que estarían implicados en la sobrevivencia de las células en condiciones anaeróbicas.

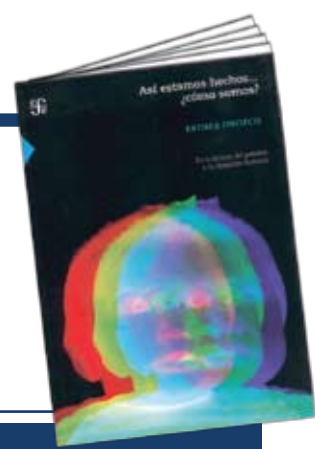
**En conclusión el uso de microarreglos de ADN en la nueva biología constituye una herramienta sencilla y poderosa en el análisis de la expresión de miles de genes en diversos organismos, que nos ha permitido avanzar a grandes pasos en la comprensión de la funciones de los genomas.**



# PRESENTACIÓN DEL LIBRO

Autora: Dra. Esther Orozco

## *Así estamos hechos... ¿Cómo somos?* De la lectura del genoma a la clonación humana



LA OBRA TIENE DOS INTERESES BÁSICOS: EL PRIMERO ES COLOCAR LA MÁS RECIENTE INFORMACIÓN DE LAS CIENCIAS DE LA VIDA AL ALCANCE DEL LECTOR COMÚN, Y EL SEGUNDO ES DAR UN PUNTO DE VISTA SOBRE LA IMPORTANCIA DE LA EDUCACIÓN, LA CIENCIA Y LA TECNOLOGÍA EN EL DESARROLLO CIENTÍFICO, HUMANÍSTICO Y ECONÓMICO.

- *Así estamos hechos...¿Cómo somos?*, de la Dra. Esther Orozco aborda conceptos básicos de la biología molecular y genómica y sus repercusiones en nuestro país
- De la lectura del genoma a la clonación humana se presentó el miércoles 28 de mayo a las 18:30 horas, en la Librería del Fondo "Octavio Paz" de Cultura Económica
- Participaron en la presentación los doctores Humberto Nicolini, Gabriel Guarneros, Patricio Gariglio y la autora Esther Orozco



Foto: Claudia Mercado, ICyTDF

Esta obra logra abarcar temas polémicos de actualidad como lo son el conocimiento del genoma humano, la generación de organismos transgénicos, el uso de células madre y la clonación de animales; temas que son de interés general, especialmente los relacionados con la investigación genómica en todos los campos del conocimiento humano.

El primer interés de *Así estamos hechos... ¿cómo somos?* "es contribuir a la difusión de algunos de los descubrimientos recientes en esta área; poner al alcance temas de gran interés científico, social, económico, ético, político e individual", apunta Orozco.

De igual manera, en este libro se presentan conceptos básicos de la biología molecular. Se muestra un recorrido por los principales hallazgos y reflexiones sobre la ciencia y la tecnología así como sus repercusiones en nuestro país.

La obra tiene dos intereses básicos: el primero es colocar la más reciente información de las ciencias de la vida al alcance del lector interesado en la difusión científica y el segundo es dar un punto de vista sobre la importancia de la educación, la ciencia y la tecnología en el desarrollo científico, humanístico y económico en México.

Esther Orozco ha dedicado su carrera como investigadora al estudio de los genes y las proteínas que participan en la virulencia de la *Entamoeba histolytica*, parásito responsable de la amibiasis, abriendo el camino para el desarrollo de una futura vacuna.

Actualmente, está dedicada a consolidar al Instituto de Ciencia y Tecnología del DF y a promover el uso de la ciencia y la tecnología para resolver los problemas de la sociedad, en específico los de la Ciudad de México.



# NOTICIAS

## del mundo de la ciencia



Ilustración: Tina Merandon, GETTY IMAGES

## UN NUEVO MAPA REVELA LA VARIACIÓN DINÁMICA EN EL GENOMA HUMANO.

**Un equipo de investigadores, conducidos por el doctor Evan E. Eichler del Instituto de Howard Hughes en la Universidad de Washington, ha producido el primer mapa de alta resolución que muestra la variación estructural que existe en el genoma humano. Con éste mapa, los investigadores pueden comenzar a estudiar cómo la estructura subyacente del genoma de una persona se diferencia de la de otra.**

Eichler y un equipo de 45 colegas examinaron las secuencias completas del ADN de ocho personas: cuatro de origen africano, dos asiáticos, y dos provenientes de Europa occidental, y las compararon con la secuencia de ADN derivada del proyecto del genoma humano, que se conoce como la secuencia de la referencia.

El resultado obtenido de dichas comparaciones permitió determinar que la variabili-

dad es mucho más compleja de lo que se había pensado, pero esta complejidad es vital. “Éstos son los detalles que necesitamos conocer para encontrar nuevas asociaciones con enfermedades”, dijo Eichler.

En un artículo publicado en mayo de 2008 en la revista Nature, Eichler y sus colegas analizaron fragmentos variables de ADN que se extendían desde algunos miles hasta algunos millones de pares de bases. La información descrita en este estudio ayudará a los investigadores a entender cómo los seres humanos son genéticamente diferentes entre sí. “Ésta es la primera vez que variantes individuales han sido clonadas y secuenciadas utilizando métodos de alta fidelidad de manera sistemática,” dijo Eichler. “Esta información sugiere la existencia de mecanismos de variación genética que no se podían deducir previamente.”

Los genetistas se han enfocado tradicionalmente en cambios en una sola “letra” - o par de bases - en una secuencia de ADN. Pero en años recientes, varios grupos de investigado-

res - incluyendo el grupo de Eichler - han demostrado que algunas de las diferencias genéticas más importantes entre los seres humanos involucran segmentos grandes del ADN.

“Los cambios estructurales - inserciones, duplicaciones, deleciones, e inversiones del ADN - son extremadamente comunes en la población humana,” dicen Eichler. “De hecho, más bases están implicadas en cambios estructurales del genoma de las que están implicados en cambios de un solo par de bases”.

En varias regiones de nuestro genoma algunas personas tienen segmentos de ADN que están ausentes en otras. Además, regiones genómicas largas pueden estar invertidas en comparación con el genoma de otras personas. Estas diferencias genéticas pueden influenciar la susceptibilidad de una persona a una enfermedad cardíaca, al autismo, al lupus, a la infección del VIH, y a muchas otras enfermedades.

En los nueve genomas analizados en el artículo de Nature, los investigadores encontraron 1,695 regiones con diferencias de inserciones, deleciones, o inversiones de ADN de más de 6,000 pares de bases de longitud. En algunas de estas regiones, los nueve genomas eran estructuralmente diferentes. En otros sitios, apenas una o unas cuantas personas presentaban variación.

Los nuevos análisis mostraron que los ocho nuevos genomas estudiados tienen 525 segmentos de ADN que no están presentes en el genoma de referencia. El tamaño de estos segmentos va desde algunos miles a 130,000 pares de bases. “Estos resultados apoyan fuertemente la idea de que la secuencia del genoma humano aún está incompleta” señalan Eichler y sus colegas en su artículo. Los autores sugieren que es necesario obtener secuencias genómicas para llenar los huecos restantes.

**EN LOS NUEVE GENOMAS ANALIZADOS EN EL ARTÍCULO DE NATURE, LOS INVESTIGADORES ENCONTRARON 1,695 REGIONES CON DIFERENCIAS DE INSERCIONES, DELECIONES, O INVERSIONES DE ADN DE MÁS DE 6,000 PARES DE BASES DE LONGITUD.**

Para estudiar más a fondo esta variación, los investigadores secuenciaron 261 de las variantes estructurales. En estas regiones encontraron muchas variantes estructurales menores a 6,000 pares de bases, que cubren un amplio rango de longitudes, incluyendo inserciones, deleciones, o inversiones de unos cuantos pares de bases. Por razones desconocidas, algunas partes de nuestro genoma son mucho más variables que otras. Por ejemplo, las áreas que contienen los genes que están implicados en la integridad estructural del cuerpo, tal como la piel o el epitelio gastrointestinal, son notablemente diversas. “Éste hallazgo nos resultó sorprendente” indicó Eichler.



Ilustraciones: Todd Davidson, GETTY IMAGES

Un análisis de las 1,695 regiones variables revela que éstas tienden a ocurrir donde los segmentos de ADN se repiten. Estos segmentos repetidos de ADN tienen una tendencia a alinearse mal durante el proceso que produce los espermatozoides y los óvulos, lo que resulta en inserciones y deleciones. "Aproximadamente la mitad de las inserciones y las deleciones parecen ser causadas por este mecanismo," dijo Jeffrey M. Kidd, estudiante de Posgrado en el laboratorio de Eichler, quien es el primer autor del artículo. "Para

determinar si los alineamientos deficientes son la causa de esta variabilidad, es necesario contar con datos de alta calidad."

El estudio de la variación estructural resultará crítico conforme vaya aumentando el número de secuencias genómicas disponibles. "2008 será un año importante en la secuenciación de genomas," señaló Eichler. Las

ocho personas que el equipo de Eichler estudió son parte de un grupo mucho más grande, cuyos genomas serán secuenciados como parte del Proyecto 1000 Genomas, un esfuerzo internacional que intenta obtener las secuencias de genomas de personas de todas partes del mundo. "tener ocho nuevos genomas como éstos nos permitirá determinar el umbral de lo que podemos y no podemos detectar."

Entender la variación estructural es esencial para desarrollar nuevas tecnologías que permitan detectar las diferencias genéticas entre la gente. Por ejemplo, los llamados "chips de SNP", ya sea utilizados en investigación o en aplicaciones clínicas, necesitan reflejar esta variabilidad estructural para poder asociar las variantes genéticas con enfermedades particulares.

Además de sus posibles aplicaciones, los nuevos resultados proporcionan una gran cantidad de datos para explorar hipótesis y hacer descubrimientos, según Eichler. "Lo que me parece más emocionante es que ahora tenemos, esencialmente, ocho nuevos genomas de referencia del ser humano."



Ilustraciones: Todd Davidson, GETTY IMAGES

**(...) DEL PROYECTO  
1000 GENOMAS, UN  
ESFUERZO INTERNA-  
CIONAL QUE INTENTA  
OBTENER LAS SECUEN-  
CIAS DE GENOMAS DE  
PERSONAS DE TODAS  
PARTES DEL MUNDO.**

# TRABAJOS DE INVESTIGACIÓN GENÓMICA expuestos en congresos internacionales



Foto: Don Farrall, GETTY IMAGES

EL TRABAJO DE INVESTIGACIÓN REALIZADO EN EL POSGRADO EN CIENCIAS GENÓMICAS HA SIDO EXPUESTO EN DIFERENTES CONGRESOS NACIONALES E INTERNACIONALES. EN ESTOS EVENTOS SE EXPONE EL TRABAJO QUE REALIZAN LOS ESTUDIANTES DE MAESTRÍA Y DOCTORADO ASÍ COMO EL QUE REALIZAN LOS PROFESORES-INVESTIGADORES.



■ Los alumnos de Maestría y Doctorado, **Helios Cárdenas y Eric Meneses** acudieron al *2nd LATIN AMERICAN PROTEIN SOCIETY MEETING* el cual se llevó a cabo en Acapulco, Guerrero en Noviembre de 2007 donde presentaron un cartel que contenía sus avances de tesis relacionados con el proyecto: Identificación de proteínas Myb en el genoma de *Entamoeba histolytica*. Para la asistencia a este evento recibieron apoyo del Dr., Luis Brieba de Castro del Laboratorio Nacional para la Biodiversidad (LANGEBIO). En este mismo congreso se presentó el trabajo titulado DNAPol I de *Entamoeba histolytica* el cual forma parte de la colaboración existente entre los grupos de la UACM y de LANGEBIO.



■ Así mismo, en febrero de 2008, la **Dra. Selene Zárate** asistió a Boston, Massachusetts a la *15th. Conference on Retroviruses and Opportunistic Infections* donde presentó el trabajo titulado: "Models of neutralization and sequence variation". También la Dra. Zárate acudió al *15th HIV International Dynamics and Evolution Meeting* con el trabajo "Models of HIV spread using agent-based simulations" el cual se llevó a cabo en Santa Fe, Nuevo México en abril de 2008. Para asistir a dichos congresos la Dra. Zárate recibió apoyo de los organizadores de dichos congresos.



■ En pasadas fechas, la **Dra. María Elizabeth Álvarez Sánchez**, profesora investigadora participó con el trabajo titulado "Polyamine depletion down-regulates the CP65 mediated cytotoxicity of *Trichomonas vaginalis*" en el Congreso The Fourth International Conference on Anaerobic Protist (ICAP IV), celebrado en Taiwán del 12 al 16 de mayo del 2008. El financiamiento para la realización de este trabajo fue otorgada por el CONACYT y la UACM.

La Universidad Autónoma de la Ciudad de México  
y el Instituto de Ciencia y Tecnología del DF

# 3er DIPLOMADO EN INVESTIGACIÓN GENÓMICA

invitan al

## INAUGURACIÓN

I. Obesidad y enfermedades cardiovasculares • 19 y 20 de septiembre 2008

II. Diabetes • 24 y 25 de octubre 2008

III. Enfermedades infecciosas • 21 y 22 de noviembre 2008

IV. Enfermedades transmitidas por vector de importancia  
en humanos y en animales • 12 y 13 de diciembre 2008

V. Adicciones • 23 y 24 de enero 2009

VI. Malformaciones congénitas y retraso mental • 20 y 21 de febrero 2009

VII. Enfermedades neurodegenerativas • 20 y 21 de marzo 2009

VIII. Cáncer • 24 y 25 de abril 2009

IX. Enfermedades de transmisión sexual • 22 y 23 de mayo 2009  
*Entrega de tesinas*

X. Enfermedades del sistema inmune • 19 y 20 de junio 2009

## CLAUSURA

## PONENTES EXTRANJEROS

Dra. Laura Almasy (University of San Antonio, EUA) • Dr. Julio Licinio (University of Miami, EUA) • Dra. Upl Singh (Stanford University School of Medicine, California, EUA) • Dr. Carlos Ernesto Suárez (Washington State University, EUA) • Dr. Guy H. Palmer (Washington State University, EUA) • Dr. Jonathan Foulds (University of New Jersey, EUA) • Dra. Judith Hall (BC's Children's Hospital, Canadá) • Dr. Isaac Túnez (Universidad de Granada, España) • Dr. Michael Escamilla (University of San Antonio, EUA) • Dra. Henrietta Raventos (Universidad de San José, Costa Rica) • Dr. Nigel Yarett (University New York, EUA) • Dr. Christopher Woelk (University of California, EUA) • Dra. Melanie Rusch (University of California, EUA) • Dra. Joni Rutter. NIDA

## PONENTES NACIONALES

Dr. Miguel Cruz. IMSS • Dra. Lorena Orozco. INMEGEN/UACM • Dr. Carlos Aguilar. INNSZ • M. en C. Beatriz Camarena. INSP • Dra. Teresa Tussli. INNSZ • Dra. Elizabeth Langley. INNSZ • Dr. Alfredo Ulloa. CMN Siglo XXI • Dr. Fernando Larrea. INNSZ • Dr. Moisés Mercado Atri. CMN Siglo XXI • Dra. Carmen Gómez. IIB-UNAM • Dra. Norma Velásquez. HIMFG • Dr. Rogelio Hernández. INNSZ • Dr. Gabriel López Velásquez. INP • Dr. Tomás López. IBT-UNAM • Dr. Carlos Amábile. Fundación Lausara • Dra. Rosa María del Ángel. CINVESTAV-IPN • Dra. Consuelo Almazán. UAT • Dr. Justino Regalado. INER • Dr. Humberto Nicolini. UACM • Dra. Ma Elena Medina Mora. INSP • Dra. Sara Frías. INP/UACM • Dra. Ariadna González del Ángel. INP • Dra. Patricia Grether. Centro Médico ABC • Dr. Luis Miguel Gutiérrez. Aseguradora ING • Dra. Elina Alonso. INN • Dr. Jorge Meléndez Zagla. INCAN • Dr. Efraim Garrido. CINVESTAV • Dr. Norman García. CMN Siglo XXI • Dr. César López-Camarillo. UACM • Dr. Luis Alonso Herrera. INCAN • Dr. Alfonso Dueñas. INCAN • Dr. Felipe Javier Uribe. INSP • Dra. Selene Zárate. UACM • Dra. Elizabeth Álvarez. UACM • Dra. Victoria del Castillo. INP • Dr. Oswaldo Mutchinik. INNSZ • Dr. Jorge Alcocer Varela. INNSZ • Dr. Luis Llorente. INNSZ • Dr. Luis Terán Juárez. INER • Dr. César González Bonilla. CM La Raza • Dr. Eric Oliver Dumontell. CIR "Hideyo Noguchi", UAY

- SIN COSTO -

Período de inscripción: 21 de julio al 1 de agosto de 2008

INFORMES: Capatzen Sánchez, Pasajero en Genómica Genómicas, UACM San Lorenzo # 200  
Col. Del Valle, México, D.F. Tel: (55) 5599-0137 Correo electrónico: genomicas\_uacm@yahoo.com.mx  
Sitio web: <http://www.uacm.edu.mx/genomicas>

UACM  
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE LA CIUDAD DE MÉXICO

POSGRADO  
DE GENÓMICA  
E INVESTIGACIÓN  
GENÓMICA



ICTDF

## ORGANIZADORES:

Dra. Esther Orozco, ICyT-DF/Cinvestav,  
Dra. Minerva Camacho, UACM;  
Dra. Elizabeth Álvarez, UACM;  
Dra. Elisa Azuara, UACM;  
Dr. Mauricio Castañón, UACM;  
Dra. Sara Frías, UACM/INP;  
Dr. César López, UACM;  
M. en C. Máximo Martínez, UACM;  
Dr. Humberto Nicolini, UACM;  
Dr. José Olivares, UACM;  
Dra. Martha Yocupicio, UACM;  
Dra. Selene Zárate, UACM;  
Dra. Cecilia Bañuelos, ICyT-DF;  
Dra. América Viveros, ICyT-DF

## NOTA DE LA BBC DE LONDRES

# Investigador del PCG de la UACM participa en un importante estudio genético

**EL ESTUDIO DESCRIBE POR PRIMERA VEZ LA VARIABILIDAD DE LA MEZCLA GENÉTICA A NIVEL GENÓMICO EN LA POBLACIÓN MESTIZA DE LATINOAMERICANOS, SEÑALANDO A LA CIUDAD DE MÉXICO COMO EL SITIO QUE MEJOR REPRESENTA EL MESTIZAJE GENÉTICO EN EL MUNDO.**

En la emisión del 20 de marzo del 2008, la BBC de Londres reseñó el trabajo de un grupo de colaboradores de diversos países, liderados por el Dr. Andrés Ruíz-Linares de la University College de Londres, UK y en el cual participó el Dr. Humberto Nicolini, profesor investigador del PCG de nuestra casa de estudios. El grupo se conformó por científicos de Estados Unidos de América, Europa y Latinoamérica incluyendo la Universidad de Bern, Suiza; la Universidad de Antioquia de Colombia; la Universidad Peruana Cayetano Heredia de Perú; la Universidad de Nuevo México, EUA; la Universidad de Berkeley California, EUA; la Universidad de Costa Rica; la Universidad Autónoma de la Ciudad de México y la Universidad de Chile, entre otras 17 Universidades y Centros de Investigación. De acuerdo a este estudio, la historia de Latinoamérica está escrita claramente en sus genes.

Los científicos reportaron sus hallazgos en marzo de 2008 en la prestigiada revista internacional de acceso libre PLOS GENETICS 2008 (4), issue 3 e1000037 y representa el estudio genético más comprensivo de población Latinoamericana. En el proyecto se analizaron 300 individuos de 7 diferentes países, desde México hasta Chile, basados en el estudio de marcadores genéticos a través del genoma humano representados por 678 microsatélites autosomales y 29 ligados al cromosoma X. Los resultados sugieren fuertemente que la gran mayoría de los Latinoamericanos son descendientes de hombres europeos y nativos americanos o mujeres africanas. Los hallazgos están de acuerdo con previos estudios reportados en la literatura

referentes a la historia demográfica de América Latina y tiene numerosas implicaciones en el diseño de estudios de asociación en poblaciones de la región.

El análisis genético de muestras de sangre de individuos de las diferentes regiones estudiadas muestra que la mayoría de los Latinoamericanos pueden trazar sus orígenes treinta generaciones atrás del tiempo en que ocurrió la conquista. Los investigadores mencionaron que la mayoría de los genes son producto de cruces entre hombres europeos y mujeres americanas nativas o africanas, lo cual soporta el argumento histórico de que los colonizadores europeos acabaron con la mayoría de los hombres nativos y se cruzaron con sus mujeres o con las esclavas africanas.

**(...) EL PRESENTE ESTUDIO DESCRIBE POR PRIMERA VEZ LA VARIABILIDAD DE LA MEZCLA GENÉTICA A NIVEL GENÓMICO EN LA POBLACIÓN MESTIZA DE LATINOAMERICANOS, SEÑALANDO A LA CIUDAD DE MÉXICO COMO EL SITIO QUE MEJOR REPRESENTA EL MESTIZAJE GENÉTICO EN EL MUNDO- APUNTÓ EL DR. NICOLINI.**

**El artículo completo puede ser obtenido gratuitamente en la dirección:**  
<http://www.plosgenetics.org>





El Posgrado en Ciencias Genómicas  
invita a inscribirse  
a los programas de

**UACM**  
Universidad Autónoma  
de la Ciudad de México  
*Nada humano me es ajeno*

**POSGRADO  
EN CIENCIAS  
GENÓMICAS**  
Universidad Autónoma de la Ciudad de México

# Maestría y Doctorado en CIENCIAS GENÓMICAS

## LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

- Genómica humana
- Genómica de agentes infecciosos en humanos
- Genómica de agentes infecciosos de importancia veterinaria

El Programa de Maestría en Ciencias Genómicas pertenece al **Programa Nacional de Posgrados de Calidad (PNPC)** en la vertiente de **Programa de Fomento a la Calidad del Posgrado (PFCP) del CONACyT** por lo que los estudiantes aceptados podrán solicitar una beca para realizar estudios de Maestría.

El Posgrado en Ciencias Genómicas invita a inscribirse a los programas de Maestría y Doctorado en Ciencias Genómicas. La convocatoria para realizar estudio de Maestría se publicará en marzo del 2009. La convocatoria para ingreso al programa de Doctorado permanece abierta durante todo el año.

## REQUISITOS PARA DOCTORADO

- Maestría en área afín
- Tiempo completo
- Comprensión de inglés científico

## ADMISIÓN

- Entrevista
- Presentación del proyecto de Maestría

## DOCUMENTOS

- Solicitud de admisión
- 2 Curriculum vitae con copia de comprobantes

- Original y 2 copias del certificado de estudios de Maestría
- Original y 2 copias del acta de examen de Maestría
- 2 Cartas de recomendación con copia
- Original y 2 copias del acta de nacimiento
- 1 Fotografía tamaño infantil

## RECEPCIÓN DE DOCUMENTOS

Fecha abierta durante todo el año.

Posgrado en Ciencias Genómicas de la UACM, Plantel del Valle.

Teléfonos: 55-59-01-87 y 54-88-66-61 ext 5352

<http://www.uacm.edu.mx/genomicas>  
[genomicas\\_ucm@yahoo.com.mx](mailto:genomicas_ucm@yahoo.com.mx)

# CIENCIAArte

## El arte y la ciencia en perspectiva

M. en C. Eduardo Flores  
Estudiante de Doctorado  
Posgrado en Ciencias Genómicas



Foto: Revista Benegeli

Fig 1. La Catedral de Florencia, domo diseñado y construido por Filippo Brunelleschi.

En los postulados del método científico, la observación constituye el paso esencial para poder analizar, demostrar y representar en un modelo el fenómeno que se despliega en la realidad. La mirada artística también, como en la ciencia, encuentra en la analogía y la diferencia el territorio de la representación del mundo, aunque lejos de cuestionar racionalmente las causas o las consecuencias, insiste con la metáfora, el despliegue del lugar donde se gestan las correspondencias.

Tracemos ahora un esbozo de las miradas convergentes de la ciencia y el arte en un periodo de la historia donde sus atributos se complementaron: **El Renacimiento** y, sobre un paradigma clásico de la observación: **La Perspectiva**.

En la actualidad nuestra concepción del espacio en tres dimensiones nos parece natural pero su instalación en la psique humana puede ser el resultado de los cambios de percepción y representación del espacio a través de la historia. En el Renacimiento de la Europa occidental tales cambios fueron especialmente significativos, ya que en el Medioevo, lo natural era estar bajo la percepción de otra dimensión: la teológica.

Veamos, los amanuenses y artistas medievales se ven imposibilitados para representar el espacio con profundidad, fallan en las proporciones y, la distribución de objetos en el plano parece un aplastamiento, bajo una visión simultánea: el espacio no ha sido "geometrizado". Basta con ver cualquier obra medieval donde las figuras acartonadas pelean la primacía en su escasa relación espacial. No obstante, su belleza responde a una edad ingenua donde las herramientas de la medición y la lógica matemática aún no arriban. Esto se dará cuando al salir los árabes de Sicilia, en el siglo XII, dejarán en Italia las obras de los griegos, mismas que serán tra-

ducidas al latín en la Europa cristiana. Entre las obras claves para esta casi imperceptible transformación de las percepciones y representaciones dimensionales, están los 13 libros de Euclides (325-265 a.de.c) y la Óptica de Ptolomeo (85-165 d.de.c). La óptica de Euclides fue traducida al latín y se denominó como

Perspectiva, la ciencia de "ver a través". En ésta se postula que en el acto de ver, el objeto es definido por la intersección de la luz que lo enmarca, tal como si éste fuese la base de un cono y, en cuyo ápice, se encuentra el ojo. La recuperación de la geometría teórica griega por algunos hombres pre-renacentistas como Robert Grosseteste (1175-1253) y Roger Bacon (1214-1294) preparaba el camino hacia un nuevo pensamiento sobre el espacio. Su concepción, sin desligarlo de Dios, permitía entenderlo como algo homogéneo e isotrópico (semejante en todas partes) y no con las variaciones metafísicas aristotélicas. Pero es hasta 1425 cuando aparece una de las principales revoluciones conceptuales sobre el mundo de las percepciones espaciales, implicando tanto a la ciencia como al arte de la época: a saber la Perspectiva lineal. Fue entonces cuando los hombres del renacimiento nos heredaron ese "lugar", concebido como un receptáculo transparente y tridimensional, homogéneo, isotrópico e infinito, que para hacerlo aparecer tenemos que recurrir a la "geometrización", al cálculo, a las proporciones y al estudio de las posiciones relativas; a la medición. Este cambio de paradigma de representación del mundo, no sólo se circunscribió a las artes y su representación, sino también tuvo repercusión en las teorías de Galileo (1564-1642) y Newton (1643-1727), debido a la necesidad de nociones más rigurosas del tiempo y, por supuesto del espacio. Pero veamos, en arte, ya desde el Giotto (1267-1337), la profundidad

en la composición de algunas obras comienza a vislumbrarse. Varios maestros emplean el recurso de los "pisos" y los "techos" como estructuras que establecen una medida y colocan a las figuras en relaciones espaciales. Aunque aún no se emplea el "punto de fuga", el cual se desarrollará hasta 1425 con las ideas sobre la perspectiva lineal de Brunelleschi (1377-1446), Masaccio (1401-1428?) y posteriormente León Batista Alberti (1404-1472). Ya para esta época la geometría euclidiana había reincorporado las matemáticas en deducciones sobre la estructura del mundo. Filippo Brunelleschi no fue pintor, sino orfebre, escultor y arquitecto, quien empleó el dibujo de la arquitectura y un experimento óptico muy ingenioso para visualizar el espacio con líneas y planos convergentes que dieran profundidad desde un "punto de vista", como si el cuadro fuera un plano más de entre todos los que se alejan del ojo, logrando así la sensación de realismo (Fig.1). Tales observaciones son llevadas a la práctica por Masaccio en obras como "La trinidad" (Fig.2), y posteriormente registradas teóricamente en la obra de Alberti en su "tratado De la pintura". En la práctica todas estas nociones para crear o fabricar el espacio tridimensional dentro del cuadro son aplicadas por artistas como A. Dürero (1471-1528), cuyos grabados son compuestos cual si fuese una "ventana abierta" (Fig.3). Al mismo tiempo, los nuevos teóricos de la geometría no lograban resolver el problema de las paralelas que se unen en el infinito. Leonardo Da Vinci (1452-1519) habla de esta imposibilidad: "el ojo colocado en medio de dos líneas paralelas no podría percatarse de su convergencia a una distancia suficientemente grande", pero tendrá que esperarse hasta los trabajos de Kepler (1571-1630) para hallar en las matemáticas el infinito de las paralelas y el inicio de la geometría proyectiva. No obstante, los artistas más intuitivos, no tuvieron que esperar a la validación científica del nuevo espacio matemático; gracias al "punto de fuga", -invención artística-, la práctica precedió a la teoría.

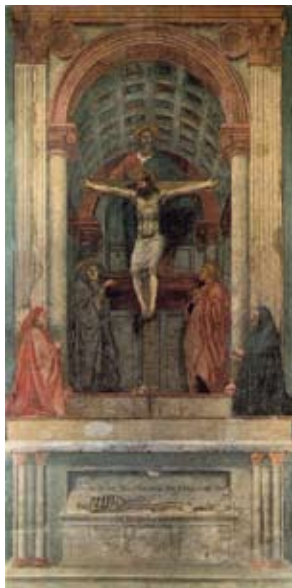


Fig 2. La Trinidad (1425) de Masaccio



Fig 3. Mozo de caballería embrujado (1544) de A. Dürero

Una utilidad inmediata y práctica en la que puede verse la simultaneidad de los pensamientos artísticos y científicos a partir de la perspectiva lineal desarrollada por Brunelleschi, se dio con un oficio de la época (siglo XV): la del artista-ingeniero. Este personaje recurre a las leyes de la perspectiva lineal para proyectar en sus dibujos objetos, procesos y maquinarias representados de una manera más realista; formulando así un nuevo "pensamiento visual". Estas cualidades del hombre renacentista instruido en varias artes y ciencias, lo vemos arquetípicamente en la obra de Leonardo da Vinci. Aunque hubo sin duda otros hombres sobresalientes en este campo como Francisco di Giorgio de Siena (1439-1502). En pintura Piero della Francesca (1416-1492) es emblemático. Artista matemático, escribe un tratado sobre perspectiva y elabora sus obras bajo un riguroso cálculo matemático para encontrar las proporciones y distribución geométrica de los elementos figurativos de sus cuadros.

Más aún, el mismo Galileo Galilei, familiarizado con los libros ilustrados con perspectiva, organiza sus ideas bajo una concepción más cercana a lo visual de la naturaleza del espacio y su tridimensionalidad representativa. Galileo era un buen pintor y dibujante, gracias a ello y a su conocimiento de la perspectiva realizó dibujos de la superficie lunar a partir de sus observaciones con el telescopio. Refutó así la idea aristotélica de la lisura de la luna y calculó, por proyecciones de la sombra de los picos lunares, su altura.

Las convergencias prácticas y teóricas de una nueva concepción del espacio entre el arte y la ciencia también tuvieron su acreditación teológica por el cristianismo renacentista: la Perspectiva Lineal, era una proyección del mismo Dios. Así y todo en el siglo XVII Galileo, Newton y Descartes (1596-1650) reconocen que la Perspectiva Lineal se adapta a los fenómenos ópticos de la visión humana, acreditando las primicias cristianas, acentuando las experiencias artísticas, pero también, abriendo un cauce para descubrir en la naturaleza los principios y la estética del mundo moderno.



# GRADUADOS

## Nombres y proyectos de investigación

El Posgrado ha graduado, hasta el 30 de junio del 2008, 17 estudiantes de la Maestría en Ciencias Genómicas y uno de Doctorado pertenecientes a las generaciones 2003, 2004 y 2005.



### GENERACIÓN 2003

• **Dra. López Casamichana Mavil**, Proyecto: Identificación de la maquinaria de reparación del DNA por recombinación homóloga en *Entamoeba histolytica* y caracterización de la recombinasa EhRAD51. Director: Dr. César López Camarillo y Dra. Laurence Marchat

### PRIMER TÍTULO DE DOCTORADO



### GENERACIÓN 2004

• **M. en C. Guillén Alfaro Jorge**, Proyecto: Análisis de los polimorfismos \*4 y \*10 del gen Cyp2d6, S y L del promotor del gen SLC6A4 en pacientes con esquizofrenia y su correlación con la respuesta farmacológica a los anti-psicóticos. Directores: Dr. Humberto Nicolini y Dr. Mauricio Castañón



### GENERACIÓN 2005

• **M. en C. López Rosas Itzel**, Proyecto: Identificación de las poli(A) ribonucleasas de *Entamoeba histolytica* y estudio funcional de la poli(A) ribonucleasa EhCAF1. Directores: Dr. César López Camarillo y Dra. Laurence Marchat



### GENERACIÓN 2005

• **M. en C. Castañeda Ortiz Elizabeth Jacqueline**, Proyecto: Caracterización de aislados de *Anaplasma marginale* de animales de campo crónicamente infectados. Directores: Dra. Minerva Camacho Nuez y Dr. Juan Joel Mosqueda Gualito



### GENERACIÓN 2005

• **M. en C. Hernández de la Cruz Olga Nohemí**, Proyecto: Caracterización molecular del posible factor de transcripción y corte/poliadenilación EhPC4 de *Entamoeba histolytica*. Directores: Dr. César López Camarillo y Dra. Laurence Marchat



### GENERACIÓN 2005

• **M. en C. De la Cruz Hernández Sergio Isaac**, Proyecto: Participación del TLR3 Durante la Infección por el Virus del Dengue. Directora: Dra. Martha Yocupicio Monroy



### GENERACIÓN 2005

• **M. en C. Cruz Castañeda Areli**, Proyecto: Identificación de Proteínas de *Entamoeba histolytica* que unen Hemoglobina Humana. Director: Dr. José de Jesús Olivares Trejo



### GENERACIÓN 2005

• **M. en C. López de Lara Díaz de León Omar**, Proyecto: Frecuencia de translocaciones cromosómicas balanceadas en células somáticas y germinales de sobrevivientes a enfermedad de hodgkin tratados con quimioterapia MOPP. Directora: Dra. Sara Frías Vázquez y Dr. José de Jesús Olivares Trejo



### GENERACIÓN 2005

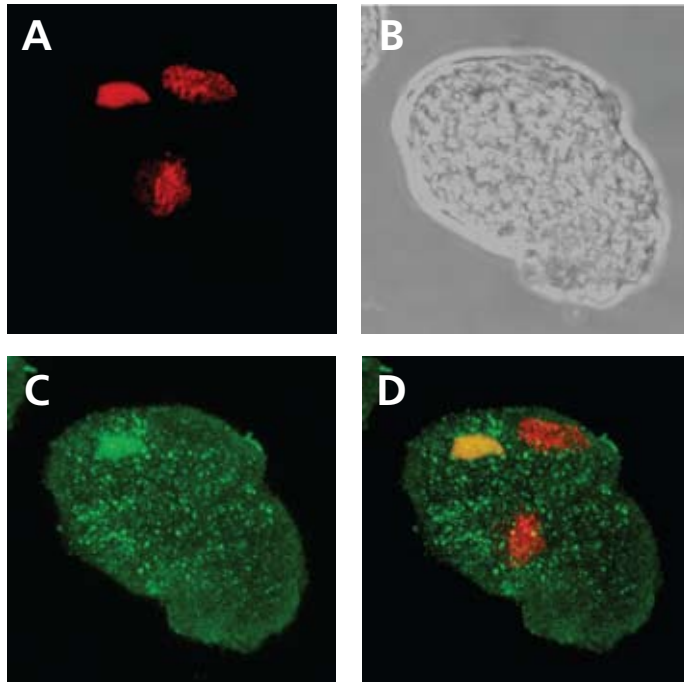
• **M. en C. Pais Morales Jonnatan**, Proyecto: Identificación de epítopos Th1 en el complejo EhCPADH 112 de *Entamoeba histolytica*. Directora: Dra. Esther Orozco Orozco

### GENERACIÓN 2005

• **M. en C. Martínez Villagomez José Alfredo**, Proyecto: Caracterización de factores genéticos que confieren riesgo para desarrollar obesidad en población mexicana. Directora: Dra. Lorena Orozco Orozco

# DESDE EL PORTAOBJETOS:

*Imágenes del MicroUniverso*



## ***Entamoeba histolytica* (amoeba)**

Se muestra la localización de la proteína EhRAD51 (verde, panel C) en el citoplasma celular y del ADN en los núcleos (rojo, panel A y D) después de inducir daño del ADN con luz ultravioleta. La superposición de ambas señales (amarillo, panel D) dentro de los núcleos, evidencia la relocalización de EhRAD51 para llevar a cabo la reparación del ADN.

FUENTE: López-Casamichana, et al. 2007

Fotografía: Imagen adquirida en Microscopio Láser Confocal Leica TCS-SP2, Posgrado en Ciencias Genómicas, UACM.

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE LA CIUDAD DE MÉXICO

Manuel Pérez Rocha

**RECTOR**

María Rosa Cataldo

**Coordinadora Académica**

Oscar González

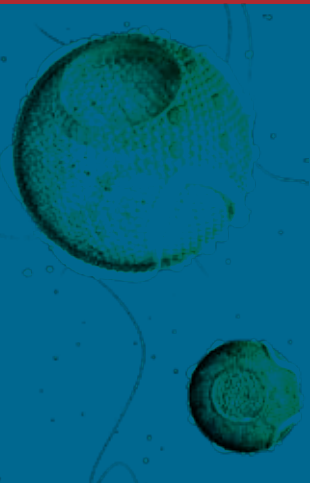
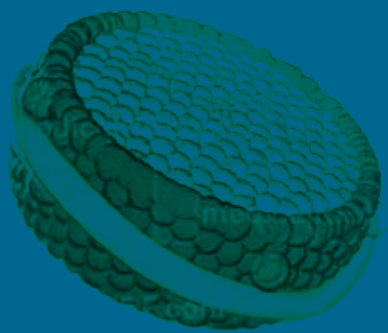
**Coordinador de Difusión Cultural  
y Extensión Universitaria**

Carlos Ruano

**Coordinador del Colegio de Ciencia y Tecnología**

*Genómicas hoy.*

Boletín cuatrimestral del Posgrado en Ciencias Genómicas UACM  
fue impresa en agosto de 2008  
en el taller de impresión de la Universidad  
Autónoma de la Ciudad de México  
con un tiraje de dos mil quinientos ejemplares



**Genómicas hoy es una publicación del  
Posgrado en Ciencias Genómicas de la UACM**

Diseño: Sollange Archer

**UACM**

Universidad Autónoma  
de la Ciudad de México

*Nada humano me es ajeno*