



## La generación 35 de la LIBB se gradúa

La formación de investigadores de alto nivel es una de las principales contribuciones de la Licenciatura en Investigación Biomédica Básica (LIBB), destacaron representantes de la Facultad de Medicina, el Instituto de Fisiología Celular y el Instituto de Investigaciones Biomédicas en la Ceremonia de Graduación de la Generación 2008-2011.

Los representantes de las tres dependencias sedes coincidieron en que una muestra de lo anterior es la condecoración del trabajo del doctor Arturo Álvarez Buylla, egresado de la LIBB, con el Premio Príncipe de Asturias 2011, en la categoría de Investigación Científica y Técnica, en mayo pasado.

“Tenemos en la historia (de la LIBB) exalumnos muy brillantes que han logrado destacar”, señaló la doctora Patricia Ostrosky, directora del Instituto de Investigaciones Biomédicas (IIB) en la ceremonia de entrega de reconocimientos a los 13 alumnos integrantes de la generación número 35 de

*...Continúa en la página 4*



La doctora Patricia Ostrosky y los estudiantes graduados

Fotos: Jorge Salas

## UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

### Rector

Dr. José Narro Robles

### Secretario General

Dr. Eduardo Bárzana García

### Secretario Administrativo

Lic. Enrique del Val Blanco

### Coordinador de la Investigación Científica

Dr. Carlos Arámburo de la Hoz

### Directora del IIB

Dra. Patricia Ostrosky Shejet



## GACETA BIOMÉDICAS

### Directora y Editora

Sonia Olguin

### Editor Científico

Edmundo Lamoyi

### Reportera

Keninseb García

Gaceta Biomédicas, Órgano Informativo del Instituto de Investigaciones Biomédicas de la UNAM. Es una publicación mensual, realizada por el Departamento de Prensa y Difusión del IIB. Editores: Sonia Olguin y Edmundo Lamoyi. Oficinas: Segundo piso del Edificio de Servicios a la Investigación y la Docencia del IIB, Tercer Circuito Exterior Universitario, C.U. Teléfono y fax: 5622-8901. Año 16, número 01. Certificado de Licitud de Título No. 10551. Certificado de Licitud de Contenido No. 8551. Certificado de Reserva de Derechos al Uso Exclusivo 04-2002-073119143000-102 expedido por la Dirección General de Derechos de Autor. ISSN 1607-6788 en trámite. Tiraje de 5 mil ejemplares en papel bond blanco de 90g, impresión Offset. Este número se terminó de imprimir el 13 de julio de 2011 en los talleres de Editorial Color, S. A. de C.V. Naranjo No. 96 bis, planta baja, Col. Santa María la Rivera, Delegación Cuauhtémoc, CP. 06400, México, D.F. Información disponible en: [www.biomedicas.unam.mx/noticias\\_gaceta.htm](http://www.biomedicas.unam.mx/noticias_gaceta.htm). Cualquier comentario o información, dirigirse a: Sonia Olguin, jefa del Departamento de Prensa y Difusión, correo electrónico: [gaceta@biomedicas.unam.mx](mailto:gaceta@biomedicas.unam.mx). Las opiniones expresadas en los artículos son responsabilidad de los autores y no reflejan necesariamente el punto de vista de la institución. Prohibida la reproducción total o parcial del contenido por cualquier medio impreso o electrónico, sin previa autorización.

# COMUNIDAD BIOMÉDICA

## Apoyo Bioinformático

La bioinformática puede definirse como la aplicación de la ciencia computacional al campo de la biología molecular, con el objetivo de usar el poder del cómputo para facilitar la comprensión de los procesos biológicos. En este sentido puede referirse también como biología computacional, aunque el término bioinformática generalmente se utiliza para los estudios que involucran técnicas computacionales intensivas en la genómica. En un sentido más amplio, podemos aplicar el término al conjunto de técnicas computacionales enfocadas a la solución de problemas biológicos mediante el reconocimiento de patrones, la minería de datos, la aplicación de algoritmos de aprendizaje de máquinas, la visualización de datos biológicos, la simulación de procesos, la creación y administración de bases de datos, la aplicación de técnicas estadísticas y el desarrollo de programas para la automatización de todos estos y de muchos otros procesos.

El uso tan exitoso de técnicas computacionales en la secuenciación del DNA y en la elucidación de diversos genomas en años recientes han tenido como consecuencia que se relacione la bioinformática de manera casi exclusiva con la genómica y la genética, y esto tiene su razón de ser en el gran contenido informático de las moléculas informacionales de las que están hechos los genes y sus productos primarios, las proteínas, así como la enorme diversidad de genes y proteínas de los que están hechos los seres vivos. Tiene sentido usar el poder de la computadora para estudiar los genes y los genomas, pero la aplicación de la computadora va mucho más allá y de ninguna manera se limita a las cuestiones genómicas. Por ejemplo, cada vez es más claro que las redes regulatorias tienen un papel fundamental en la expresión de muchos aspectos de la actividad biológica, y el análisis y la simulación de estas redes no se concibe sin el empleo de diversas herramientas computacionales.

Es una realidad que en los últimos años ha habido una rápida aceleración en el desarrollo de nuevos enfoques bioinformáticos, y los diversos proyectos de secuenciación de genomas están generando datos a una gran velocidad. Por eso, ahora hago del conocimiento de la comunidad del instituto que ofrezco apoyo académico y colaboraciones en bioinformática a quien lo requiera, pues la bioinformática resulta muy importante y necesaria como parte de la investigación biomédica actual, pero por el nivel de especialización que requiere, se encuentra fuera del alcance de muchos grupos de investigación que necesitan saber, por ejemplo, si su gene de interés ha sido secuenciado, o conocer si hay secuencias relacionadas. Así que yo estaré brindando apoyos que podrán abarcar desde simples consejos para elegir programas o técnicas hasta la elaboración de programas o soluciones bioinformáticas. Por ejemplo, puedo ayudarlos a comprender qué es la línea de comando de Windows y como se utiliza para correr programas, o podemos colaborar para determinar el uso de codones en un genoma. Quizás pueda ayudarle a decidir si conviene usar Blast o Blat para hacer una alineación, a distinguir entre ClustalW y ClustalX y entender cuando hay que utilizar uno o el otro, o a decidir si es mejor efectuar cierto análisis localmente o bien usar una página Web disponible. Tal vez haya que hacer un programa para realizar una tarea o para automatizar algún procedimiento. Es posible que sea conveniente montar Linux en una máquina, y que le pueda ayudar a decidir si es necesario dedicarle una computadora, o bien instalarlo lado a lado con Windows en dual-boot o mejor aun en una máquina virtual.

Para facilitar esta tarea Biobytes está de regreso, pero ahora con una perspectiva bioinformática. Puede consultar esta columna en <http://biobytes.info>, y allí iré relatando las experiencias que se vayan teniendo.

Jorge Limón-Lason

# CONTENIDO

- |   |  |
|---|--|
| <p><b>1</b> La generación 35 de la LIBB se gradúa<br/>Keninseb García</p>                               | <p><b>6</b> Gloria Soberón, nueva integrante de la Academia Nacional de Medicina<br/>Jorge Salas</p> |
| <p><b>2</b> <b>Comunidad Biomédica</b><br/>Apoyo Bioinformático<br/>Jorge Limón-Lason</p>               | <p><b>8</b> <b>Red Biomédica</b><br/>El cifrado de la información<br/>Omar Rangel</p>                |
| <p><b>5</b> <b>Silanes</b><br/>La utilización de los ensayos basados en células<br/>Ma. Teresa Mata</p> |  |



Soluciones Integrales Merck Millipore.  
Deje que su Trabajo Fluya.



**MERCK MILLIPORE**  
Tel (55) 2122 1600  
Fax (55) 2122 1703  
www.merckmillipore.com  
www.merck-chemicals.com.mx

Merck Millipore is a division of **MERCK**



@MerckQuimicaMX



merckquimicos.mexico

...viene de la página 1

la carrera.

En el Auditorio Alfonso Escobar Izquierdo del IBB, la doctora Ostrosky felicitó a los alumnos por encontrarse al inicio de “una carrera muy exitosa” y los invitó a asumir el reto de “demostrar que la ciencia en México puede lograr cosas importantes y que puede servir a la sociedad”.

En representación de la doctora Marcia Hiriart, directora del Instituto de Fisiología Celular (IFC), el Secretario Académico, doctor Julio Morán Andrade, resaltó que los alumnos de la LIBB son estudiantes de excelencia y alta calidad académica, porque su perfil incluye características como el pensamiento lógico, apertura y escepticismo.

Al respecto, el doctor Alejandro Zentella Dehesa del Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental del IBB, en representación de los profesores y tutores de la licenciatura, agregó que los alumnos de la LIBB “fueron seleccionados de manera muy rigurosa; sus trabajos, proyectos, norma científica y publicaciones en las que aparecen, sus carteles y su mirada crítica son todos indicadores de su altísima calidad y excelencia académica”

Celebró el hecho de que los integrantes de la generación hayan encontrado su vocación en el seno de la Universidad, y la doctora Rosalinda Guevara, Secretaria General de la Facultad de Medicina, los invitó a llevar el escudo de nuestra Máxima Casa de Estudios muy alto.

El coordinador de la LIBB, el doctor Alejandro García Carrancá del Departamento de Biología Molecular y Biotecnología del IBB, reconoció el esfuerzo de los integrantes de la generación y de la comunidad de las instituciones participantes, a este reconocimiento se unió el doctor Julio Morán, quien resaltó la labor de los profesores y asesores que participaron en la formación académica de los graduados.

Los académicos reconocieron, también, el apoyo de los familiares y amigos de cada uno de los graduados, pues terminar los estudios de la LIBB “requirió del apoyo de todos (...) y seguir adelante requerirá de otro grupo de personas, hay que encontrarlo y hay que



Rodrigo Cáceres dio un mensaje en representación de los graduados

mantenerlo”, comentó el doctor Zentella Dehesa.

Los miembros del *presídium* coincidieron en que el término de los estudios de licenciatura de esta generación es sólo el inicio de su carrera científica y los invitaron a continuar preparándose para ejercerla de forma satisfactoria.

“En la vida vamos por etapas, –comentó la doctora Ostrosky– y vamos adquiriendo diferentes experiencias”, agregó que, pese a todos los conocimientos adquiridos a lo largo de la carrera, hoy en día no basta con tener estudios de licenciatura, por lo que los invitó a continuar con el posgrado.

Los alumnos graduados son: Luis Pablo Ávila, Rodrigo Cáceres, Fernanda Cisneros, Donovan Correa, Mariana Dhune, Javier García, Enrique Hernández, Sharlen Y. Moore, Itzel Nissen, Diego Oliva, Miguel A. Sarabia, Jesús R. Vergara y Lucía Yáñez. 

Keninseb García



Los estudiantes graduados

# La utilización de los ensayos basados en células

Ma. Teresa Mata  
Biotecnología Farmacéutica.  
Laboratorios Silanes S.A. de C.V.



**D**urante la identificación y caracterización de moléculas o principios activos empleados en el desarrollo de un medicamento, nos enfrentamos al hecho de definir ¿cómo medir la actividad de nuestra molécula de interés de forma específica?. Los ensayos basados en células o bioensayos nos permiten establecer una relación funcional entre dosis y respuesta, ofreciendo ventajas de disminución de costos por microensayo, automatización de procesos y análisis múltiple. A diferencia de las pruebas realizadas en animales, que están limitadas por el costo y otros recursos a apenas unas cuantas dosis, los ensayos *in vitro* pueden probar las proteínas o sustancias químicas en un amplio rango de dosis.

En este tipo de ensayos se puede medir la proliferación celular, toxicidad, producción de marcadores, movilidad, activación de mecanismos de señalización específicos y cambios de morfología, siendo todos estos efectos biológicos asociado directamente al efecto de la molécula de estudio.

La elección del bioensayo es crítico para generar información útil de acuerdo al objetivo y hay que analizar las diferencias entre los métodos que se desarrollan o comercializan centradas en el tipo celular (origen), parámetro de medición (crecimiento, citotoxicidad,  $Ca^{+2}$ , ATP etc.), el método de detección (bioluminiscencia, fluorometría, colorimetría), la sensibilidad, costo, tiempo de desarrollo, infraestructura y capacidades técnicas.

El crecimiento de esta área se ha visto impulsado por los sectores farmacéuticos y biotecnológicos que requieren procesos robustos, rápidos y rentables para caracterizar diversos candidatos para el desarrollo de medicamentos o establecer métodos validados de control de proceso o producto terminado, así como por la incorporación de innovaciones tecnológicas de detección, métodos de análisis y reproducibilidad del método.

Las diversas aplicaciones de los ensayos basados en células lo sitúan como una herramienta atractiva para el análisis e identificación de blancos terapéuticos con aplicaciones en otros campos como estudios toxicológicos, diagnóstico, biología molecular y genéticos. Se pronostica que el mercado de los ensayos basados en cultivos celulares alcanzará los 1.6 billones de dólares en el 2017<sup>1</sup>. †

1) Cell- Based Assays: A global Strategic Business Report <http://www.companiesandmarkets.com/Market-Report/cell-based-assays-a-global-strategic-business-report-617862.asp>

# Gloria Soberón, nueva integrante de la Academia Nacional de Medicina

La doctora Gloria Soberón Chávez, integrante del Departamento de Biología Molecular y Biotecnología del Instituto de Investigaciones Biomédicas, ingresó a la Academia Nacional de Medicina, en la Sesión Solemne de Recepción de Nuevos Académicos realizada el 29 de junio del año en curso.

En la sesión realizada en el auditorio de la academia, el presidente de la Academia Nacional de Medicina, el doctor David Kershenobich, dio la bienvenida a los nuevos integrantes de la academia y reconoció las formas distintas de conocimiento, compromiso y visión con la medicina de cada uno de los nuevos miembros.

El doctor David Kershenobich y el doctor Enrique Ruelas, fueron los encargados de entregar las medallas y diplomas a los 20 nuevos integrantes de la Academia, entre ellos a otros miembros de la UNAM como Carolina Escobar, Marcia Hiriart y Ruy Pérez Tamayo.

El doctor Ruy Pérez Tamayo en nombre de los nuevos miembros, afirmó que entrar a la Academia Nacional de Medicina, aparte de ser una distinción honrosa, es "un nuevo compromiso con nuestra profesión, una responsabilidad más en nuestra vida académica, un estímulo para reforzar los trabajos, las acciones y las aspiraciones que nos permitieron ingresar a la Academia y demostrar de esa manera que nuestros colegas académicos no se equivocaron cuando generosamente nos abrieron la puerta a esta institución".

Para concluir, el doctor Pérez Tamayo agradeció, a nombre de todos los nuevos miembros, sus ingresos y afirmó que aceptan el compromiso y la responsabilidad de continuar trabajando en su profesión, y apoyar y promover los objetivos de la Academia.

## El control del cáncer: avances, retos y paradigmas

Durante esta sesión solemne de recepción de nuevos académicos, el doctor Alejandro Mohar Betancourt, director del Instituto Nacional de Cancerología y miembro del Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, del Instituto de Investigaciones Biomédicas dictó la Conferencia Magistral "Dr. Miguel F. Jiménez": "El control del cáncer: avances, retos y paradigmas".

El doctor Mohar explicó que a lo largo de la historia del tratamiento del cáncer se han desarrollado terapias sistémicas, en donde la quimioterapia fue una de las piedras angulares. "Hoy en día hay 20 ó 30 medicamentos citotóxicos básicos que están exclusivamente dedicados a afectar o detener el crecimiento celular, en el grupo de células tumorales con un alto índice de multiplicación. Sin embargo, estos medicamentos causan efectos secundarios agresivos a los pacientes".

A pesar de que existen diversos tratamientos contra el cáncer, aún se observa una alta mortalidad de cáncer a nivel mundial. Se estima que para el año 2030 habrá 26 millones de nuevos pacientes con cáncer y 17 millones de fallecimientos a causa de esta enfermedad.

En México, afirmó el doctor, 1 de cada 3



Gloria Soberón durante la ceremonia de ingreso

mexicanos recibirá el diagnóstico de cáncer a lo largo de su vida y 1 de cada 5 mexicanos fallecerá por una causa asociada directa o indirectamente a algún tumor maligno.

Hoy en día gracias a la descripción total del genoma humano, explicó el doctor Mohar, se pudieron identificar de 3000 a 5000 genes directa o indirectamente asociados al cáncer, de los cuales 300 están perfectamente bien identificados, aislados, clonados y secuenciados. "Se considera que el daño a un determinado gen es lo que está condicionando esta proliferación celular en diferentes órganos, en diferentes variantes celulares; y esto abrió

## Gloria Soberón Chávez

Es doctora en Investigación Biomédica Básica por la Universidad Nacional Autónoma de México. Su tesis de doctorado la hizo acreedora al premio Weizmann de la Academia Mexicana de Ciencias.

Realizó su maestría y doctorado en el entonces Centro de Investigación sobre Fijación de Nitrógeno y posteriormente se integró al Instituto de Biotecnología de la UNAM. En el 2003 ingresó al Instituto de Investigaciones Biomédicas como Investigador Titular C de Tiempo Completo, del cual fue directora en el periodo 2007-2011.

En entrevista, la doctora Soberón comentó que desde que se inició en la investigación ha trabajado en el área de la genética molecular de bacterias. Si bien su trabajo de investigación se ha enfocado a aspectos básicos de la biología molecular de diversas bacterias, estudia especialmente a la *Pseudomonas aeruginosa*, que tiene interés tanto clínico como biotecnológico.

*P. aeruginosa* es un patógeno oportunista con el que estamos en contacto constantemente pero puede causar infecciones severas con alta tasa de mortalidad en personas inmunodeprimidas (como los enfermos de sida, quemados o los pacientes hospitalizados en terapia intensiva o con respiradores) o en pacientes que padecen fibrosis quística. Por otra parte las infecciones que causa son muy difíciles de tratar debido a que es altamente resistente a antibióticos.

La doctora Gloria Soberón estudia a *P. aeruginosa* desde el punto de vista básico para establecer cuál es el mecanismo de regulación genética de la producción de algunos factores de virulencia. En su trabajo de ingreso a la ANM comparó la secuencia del genoma de tres cepas obtenidas de ambientes lejanos al hombre como la selva o el océano y un aislado del jugo gástrico de un delfín (que fueron secuenciadas en la Unidad de Secuenciación Masiva de la UNAM) con cepas de aislamientos clínicos que han sido secuenciadas, con el fin de encontrar las diferencias entre ellas. Los resultados indican que no existen diferencias significativas. Este hallazgo reduce la posibilidad de utilizar vacunas y otros procedimientos para evitar la infección, como por ejemplo las medidas de higiene, debido a que esas bacterias que son potencialmente patógenas están en todas partes.

La doctora Soberón considera necesario identificar otros mecanismos para tratar estas infecciones porque el hecho de usar antibióticos para eliminar a las bacterias, genera en ellas una presión de selección, es decir, las bacterias se reproducen tan rápido que en este proceso mutan y se seleccionan las resistencias en presencia de los antibióticos, por ello la investigadora trabaja en la búsqueda de compuestos con blancos moleculares específicos que no bloqueen el crecimiento, sino la producción de los factores de virulencia con lo que no se establecerían las infecciones y se evitaría la presión de selección.

una puerta a una nueva terapia contra el cáncer, la terapia dirigida, la terapia molecular blanco”, afirmó el doctor.

El doctor Mohar afirmó que existen 4 tipos de mutaciones identificadas que afectan a los genes: puntuales, traslocaciones, amplificaciones y eliminaciones (*deletions*); y este daño genético intracelular claramente ocasiona daños al control de la proliferación. “Algunos ejemplos concretos son el HKN-Ras, ErbB, Rb; el KRas se ha identificado en el 20 por ciento de los tumores malignos, en particular en el 50 por ciento del cáncer de colon y el

25 por ciento de pulmón, entonces hoy ya no podemos decir que un paciente tiene adenocarcinoma de colon sino debemos decir nuestro paciente es KRas positivo o silvestre en cáncer de pulmón o colon”.

El doctor Mohar explicó que se deben desarrollar medicamentos que ataquen directamente las mutaciones genéticas que están ocasionando el desarrollo del cáncer y terapias personalizadas para los pacientes que presentan mutaciones genéticas específicas; esto abrirá una gran ventana de oportunidades para la supervivencia de millones de pacientes.

Para concluir, el doctor Mohar puntualizó que las nuevas terapias para el cáncer deben ser personalizadas, predictivas, preventivas y participativas para tener un menor porcentaje de fallecimientos a causa de esta enfermedad; y reiteró la necesidad de crear un Consejo Nacional de Cáncer. 

Jorge Salas

# El cifrado como herramienta para la protección de información confidencial

El cifrado de información es el proceso basado en algoritmos matemáticos, para hacer ininteligible la información para todos, excepto para el emisor y receptor autorizados; es un proceso que se realiza de manera transparente para el usuario pero que inevitablemente requiere de una mayor capacidad de procesamiento por parte del equipo, y mientras más complejo sea el algoritmo de cifrado, mayor será el requerimiento de cómputo. Existen múltiples herramientas (aplicaciones) que permiten realizar el cifrado de la información de nuestra computadora, desde cifrar un archivo específico donde podría estar almacenada nuestra información financiera por ejemplo, hasta el cifrado del disco duro completo para evitar que alguien pueda tener acceso a cualquier tipo de información que contenga nuestro equipo.

Lo más fácil sería utilizar alguna solución de software para cifrar el contenido completo de nuestros discos duros, sin embargo esto restaría eficiencia al equipo y probablemente terminaríamos desactivando la función por no sacrificar la agilidad del sistema. Sin embargo, si nos detenemos un momento a reflexionar, nos daremos cuenta que la información que podría requerir ser protegida por un procedimiento de cifrado es menos de la que nos imaginamos, y siendo prácticos, lo más seguro es que no sobrepase la capacidad regular de un dispositivo de almacenamiento USB (2-4 GB). En este caso, podemos aumentar la seguridad de nuestra información confidencial o sensible almacenándola en una memoria flash destinada específicamente para tal función que además



TrueCrypt incorpora una función denominada *traveler disk* que facilita el procedimiento de instalación en unidades extraíbles. Imagen: [HYPERLINK "http://www.truecrypt.org/screenshots"](http://www.truecrypt.org/screenshots)

incorpore una herramienta de cifrado, tal como la que nos permite gestionar el cifrado de la información a través de una contraseña, la cual, una vez instalado el software en el dispositivo USB, nos será requerida al conectar y extraer dicha unidad, lo que nos da la tranquilidad de que si la extraviáramos, nadie podrá tener acceso a la información almacenada porque se encuentra cifrada.

En caso de que la información a proteger sobrepase la capacidad de un dispositivo extraíble, podemos instalar la aplicación antes mencionada en nuestros equipos, sin importar el sistema operativo, y determinar un directorio o carpeta específicamente para alojar nuestra información confidencial, lo siguiente será configurar la aplicación para que gestione dicha parte de nuestro sistema y de la misma manera, cada vez que el usua-

rio requiera acceder a esa carpeta, le sea solicitada nuestra contraseña. Esta aplicación es útil para garantizar la confidencialidad de la información en equipos compartidos, es decir, que tienen más de una cuenta de usuario, cifrando cada uno de los directorios y protegiéndolos con contraseñas independientes.

Es importante remarcar que, no importa que tan robustas sean las medidas de seguridad que implementemos para proteger nuestra información, mientras se encuentren basadas en una contraseña y ésta no sea fuerte en su constitución y resguardada apropiadamente, poco será lo que logremos por mejorar nuestros sistemas de información. <sup>1</sup>

Omar Rangel  
Departamento de Cómputo