



Conferencia de David Cox

Medicina genómica: problemas locales, implicaciones globales

Andrés Bendesky, estudiante de la Facultad de Medicina en el laboratorio de Patricia Ostrosky, IIBm.

“La medicina genómica se acerca a pasos agigantados”, fueron las palabras con las que Gerardo Jiménez, director de INMEGEN, concluyó la magnífica conferencia que impartió David Cox, el pasado 14 de junio, en el auditorio de la Academia Nacional de Medicina. Y por el contenido de la conferencia, fueron las palabras más adecuadas para resumir el discurso de Cox. Según el pediatra y líder en el campo de la farmacogenómica, en cinco años se contará con un acervo bastante amplio de los marcadores genéticos que determinan una buena respuesta a un tratamiento farmacológico, o su contraparte, la sensibilidad a su toxicidad. Quizá sea un poco ambicioso pretender que esto suceda en un lustro, pero con las modernas y relativamente baratas técnicas desarrolladas bajo la dirección del mismo Cox, podemos esperar que se logren grandes avances en un tiempo razonablemente corto.

Aunque el término genómica se ha puesto de moda en los últimos años, ya sea como adjetivo o sufijo, en pocas situaciones se hace valedero su significado. Genómica se refiere al estudio de todo, o gran parte del genoma—el material genético completo de un organismo particular—, o de una muestra representativa de éste. La genética, en cambio, estudia el funcionamiento o las implicaciones clínicas de uno o varios genes. La genómica no sustituye a la genética, sino que es una forma alternativa de identificar genes importantes para un hecho o proceso biológico que se esté estudiando; estos genes, una vez identificados, son sujetos de un estudio genético, si es que no han sido abordados anteriormente.

En nuestro país, aunque varios de los departamentos de hospitales y universidades se han modificado, nominalmente, de Genética a Genómica, las investigaciones o diagnósticos clínicos que se hacen en ellos siguen siendo los mismos que se hacían antes del cambio de nombre y por lo tanto, catalogables bajo el primero. La conferencia de Cox dio ejemplos claros de trabajos en el área de genómica de poblaciones y farmacogenómica, aunque él mismo, sutil y recatadamente, se refirió a ellos como farmacogenética. El doctor Cox, quién fuera profesor en Stanford

y actualmente director científico de la compañía Perlegen, habló de los vertiginosos avances que ha habido en el campo, muchos de los cuales fueron propiciados por su propio trabajo. Por ejemplo, la capacidad actual de analizar marcadores genéticos, tales como la variación de una sola base o SNP (se pronuncia *snip* y proviene del inglés *single nucleotide polymorphism*), que ocurren en la secuencia del DNA en más del uno por ciento de la población, a una velocidad muy superior a la disponible hace algunos años; así, en Perlegen se determinan 60 millones de SNPs por semana, a un costo 50 veces menor al de hace cinco años (un centavo de dólar por SNP).



Cox mencionó que los rasgos biológicos complejos tienen un componente genético que va del 30 al 80 por ciento y que 20 o más cambios genéticos, en promedio, son responsables de esa carga genética. Por lo tanto, identificar esos 20 polimorfismos de los ~10 millones existentes en la población humana es, como dijo, “la búsqueda de una aguja en un pajar”. Sin embargo, la aplicación de la tecnología actual de alto rendimiento y bajo costo, aunado a otros ‘trucos’ experimentales, equivale a colocar un imán de alta potencia sobre el pajar. Los investigadores que se dedican a asignar genotipos, o conjunto de polimorfismos genéticos, a una enfermedad o sensibilidad a un fármaco son, según sus palabras, “casamenteros moleculares”.

Los SNPs son las variantes más sencillas del DNA entre los individuos. De acuerdo con el HapMap Project, el proyecto mundial para mapear todos los SNPs, éstos se presentan aproximadamente cada 300 pares de bases y según hallazgos de Cox, hay por lo menos un SNP en el 78 por ciento de los genes. Los SNPs son muy antiguos, casi todos ellos surgieron antes de que los humanos salieran de África, y presentan sólo dos variantes de las cuatro posibles, lo que facilita su identificación. Cada SNP surgió una sola vez en la historia del hombre y, mientras más antiguo, más común es en las poblaciones actuales. Los SNPs son básicamente los mismos en todas las poblaciones humanas, lo que varía es su frecuencia. Los SNPs pueden alterar a una proteína cualitativa o

Continúa en la página 4

Genómica: nueva herramienta biomédica para combatir parásitos.....p. 2

Fagos recombinantes como herramienta para el desarrollo de vacunas.....p. 3

Genómica: nueva herramienta biomédica para combatir Oparásitos

Jorge Morales-Montor, Departamento de Inmunología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM.

El uso de la genómica en la comprensión de las infecciones parasitarias ha avanzado lentamente, sobre todo en los campos que se refieren a la patogenicidad, vacunas, nuevas drogas, filogenia, diagnóstico, convivencia y especificidad parásito-hospedero. La secuenciación de genomas (identificación del orden de las bases químicas que componen el DNA) de varios parásitos de importancia médica humana y veterinaria ha sido una herramienta de gran utilidad para reconstruir la filogenia de especies, que permite comprender mejor su evolución desde un punto de vista genético, y así desarrollar nuevos métodos diagnósticos, fármacos y vacunas.

El genoma contiene la información para fabricar una parte sustancial de las herramientas materiales con las que un organismo ha de enfrentarse a su medio y con la que equipa a su prole. Metafóricamente, el genoma incluye el total de palabras con que cuenta un cierto lenguaje para escribir su literatura y algo más, aún por descifrarse. Un genoma es, en consecuencia, un tesoro para quien se interesa en descifrar la historia de un organismo, desentrañar las causas y mecanismos de sus acciones, influir en sus consecuencias y diseñar y pronosticar su destino.

La habilidad para entender y utilizar el conocimiento de un genoma completo es nueva y no ha sido completamente desarrollada. No obstante, el potencial del conocimiento y manejo del mismo es inmenso y, a pesar del corto tiempo, ya son numerosas las aportaciones.

En la actualidad se cuenta con un total de 21 genomas de parásitos de importancia médica, ya sea secuenciados y anotados (*Entamoeba histolytica* y *Leishmania major*); secuenciados pero en proceso de anotación y ensamblado (*Cryptosporidium hominis*, *Giardia lamblia* y *Plasmodium berghei*) o, en proceso de secuenciación (*Brugia malayi*, *Cryptosporidium parvum*, *Echinococcus granulosus*, *Entamoeba dispar*, *Leishmania infantum*, *Plasmodium falciparum*, *Plasmodium vivax*, *Schistosoma mansoni*, *Schistosoma haematobium*, *Taenia solium*, *Toxoplasma gondii*, *Trichomonas vaginalis*, *Trypanosoma cruzi*, *Trypanosoma congolense*, *Trypanosoma brucei*, *Trypanosoma vivax*).

Entre todos ellos hay 15 especies de protozoarios y tres especies de metazoarios, pertenecientes a 11 diferentes géneros. También se cuenta con el genoma completo de dos hospederos definitivos: el ratón y el ser humano, y se está trabajando en la secuenciación de los genomas de algunos hospederos intermediarios como el mosquito vector transmisor de la malaria (*Anopheles gambiae*); caracol de agua dulce de *Taenia solium*.

En el caso de *Plasmodium falciparum*, por ejemplo, contar con la secuencia completa de su genoma permitió aclarar la relación parásito-hospedero, así como descubrir nuevos factores

de virulencia y posiblemente nuevas estrategias para su eliminación. Las proteínas de membrana de unión al eritrocito 1 (PfEMP1, por sus siglas en inglés) actúan como factores de virulencia, a través de su variabilidad genética y su citoadherencia con los eritrocitos infectados, los cuales se pueden acumular en órganos vitales causando complicaciones. Estas proteínas son codificadas por la familia de genes *var*, los cuales presentan gran variabilidad entre parásitos aislados de diferentes fuentes, por lo que pueden tener un papel importante en la patogénesis de la infección. El análisis de estos genes sugirió que existe un subgrupo de genes *var* que están generalmente conservados entre diferentes aislados y podrían ser los responsables de la patogénesis de la malaria. Por otra parte, la evaluación del perfil transcripcional de *Plasmodium falciparum* en sus estadios en la infección natural, comparado con el perfil obtenido de estadios similares *in vitro*, nos podría dar información sobre el metabolismo involucrado en el estadio infectivo, los mecanismos de evasión de la respuesta inmune y cómo la transmisión puede ser alterada en el ambiente especializado del humano comparado con las condiciones *in vitro*. Diversos genes que codifican proteínas de membrana, incluyendo *SERA* y genes *rifin*, son diferencialmente expresados *in vivo* e *in vitro*. Estos genes son miembros de una familia multigénica que codifica para proteínas de superficie, las cuales están involucradas en la evasión de la respuesta inmune del hospedero. El estudio diferencial del transcriptoma de *Plasmodium* puede dar la pauta para el análisis de nuevas moléculas que podrían estar involucradas en la patogénesis del paludismo y el desarrollo de nuevas estrategias para combatir la infección.

El análisis de la bibliografía referente a genomas de parásitos secuenciados a la fecha, plantea la pregunta de cuántos genomas es necesario secuenciar para combatir una infección con parásitos que requieren de hospederos secundarios, de vectores para su transmisión o que cuentan con reservorios seguros mientras encuentran al hospedero definitivo en quien completar su ciclo reproductivo. *Plasmodium sp* es un ejemplo de ello, por lo tanto, se están secuenciando los tres genomas involucrados en el desarrollo de la malaria: mosquito *Anopheles gambiae* (vector), *Plasmodium falciparum* (parásito) y ser humano (uno de varios hospederos definitivos). El vector de la malaria es muy importante en la transmisión de la infección y la forma de control que principalmente se ha utilizado es el uso de insecticidas. Sin embargo, se ha reportado resistencia a insecticidas por parte del vector, por lo que se ha propuesto el uso de la genómica para combatirlo. Una forma posible es generar vectores estériles que acarreen un gen letal dominante. Aunque estas son técnicas innovadoras que actualmente están siendo evaluadas, la posibilidad de conocer el genoma completo de

Continúa en la página 6

Fagos recombinantes como herramienta para el desarrollo de vacunas

Karen Manoutcharian, Departamento de Biología Molecular y Biotecnología, IIBm

Los fagos filamentosos recombinantes –virus que infectan a bacterias y que han sido modificados o “recombinados” mediante ingeniería genética–, ofrecen nuevas alternativas y amplias posibilidades para el diagnóstico y el desarrollo de vacunas moleculares que podrían utilizarse contra diferentes enfermedades, como la infección por VIH, la enfermedad de Alzheimer y la tuberculosis, entre otras.

La técnica de *Phage Display* o despliegue en fagos, se basa en la expresión de hasta 10^{11} péptidos (aminoácidos unidos), o proteínas, fusionadas más frecuentemente a la proteína 3 de la cubierta viral (cpIII) o proteína 8 (cpVIII) sobre la superficie del bacteriofago filamentoso M13. Las bibliotecas de péptidos expresados en fagos (*Phage Display Peptide Library* PDPL) fueron descritas por primera vez en 1990 y después usadas ampliamente para estudiar los aspectos moleculares de las interacciones entre antígeno-anticuerpo, proteína-proteína y las interacciones ligando-receptor. En la mayoría de los casos, las bibliotecas fueron utilizadas en un ensayo de bioselección simple llamado “biopanning”, el cual consiste de varias rondas de interacción entre el fago y el ligando, dando como resultado la selección de clonas de fagos con altas afinidades a un ligando en particular. Más aún, se ha demostrado que las PDPLs podrían utilizarse como una herramienta para definir los antígenos/epítomos (regiones inmunológicamente activas de un inmunógeno)

reconocidos por sueros policlonales. Por ejemplo, se ha demostrado que utilizando PDPL es posible seleccionar clonas de fagos específicos del VIH tamizando la biblioteca con sueros positivos a VIH y cuando los fagos seleccionados son utilizados como inmunógenos en ratones o monos, son capaces de inducir la producción de anticuerpos neutralizantes del VIH. Una característica interesante de las PDPLs es la posibilidad de seleccionar no solamente epítomos originales relacionados al antígeno, sino también mimótopos, los cuales son péptidos que mimetizan funcionalmente al antígeno original sin compartir homología de secuencia con el epítomo de antígeno original. Nosotros identificamos mimótopos mediante la bioselección usando sueros de pacientes infectados con VIH en los que la enfermedad progresa lentamente; los fagos recombinantes que expresan los mimótopos fueron usados para inmunizar ratones, y demostramos que sus sueros son capaces de inhibir *in vitro* la fusión celular y neutralizar VIH-1. También, expresamos en la superficie del fago varias formas de un péptido de la región inmunodominante de la proteína gp41 de VIH-1 y usamos el fago en ensayos de ELISA con sueros de pacientes.

Otro aspecto interesante del *Phage Display* fue el desarrollo de un sistema basado en un gen o genoma completo, que permite la expresión de fragmentos de DNA o cDNA, derivados de genes

individuales o del genoma completo, fusionados a cpIII o cpVIII de M13 sobre la superficie del fago.

En mi grupo nos hemos interesado en evaluar la posibilidad de generar bibliotecas en fagos que expresan proteínas codificadas por fragmentos de DNA derivados del genoma completo de *Taenia solium* y DNA complementario (cDNA) de *Taenia crassiceps* y, usando el potencial del *Phage Display*, identificar determinantes antigénicos y/o inmunogénicos específicos. Mediante esta técnica pudimos identificar péptidos o proteínas presentadas en fagos que son reconocidos específicamente por anticuerpos presentes en el suero y líquido cefaloraquídeo de pacientes con neurocisticercosis.

Entre las principales ventajas de la inmunización en diferentes modelos animales con fagos obtenidos mediante esta técnica, se ha observado una importante capacidad para generar una respuesta inmune sin el uso de adyuvantes.

En el fago M13, hemos logrado expresar múltiples copias de tres péptidos y un antígeno de *Taenia crassiceps* que usaremos conjuntamente como vacuna contra la cisticercosis murina y porcina. Estos péptidos sintéticos fueron usados exitosamente como vacuna contra la cisticercosis murina y ahora demostramos que la primera vacuna basada en fagos recombinantes es capaz de inducir altos niveles de protección contra la cisticercosis en cerdos.

Hemos reportado también un nuevo concepto de construcción de inmunógenos, basado en la modificación del dominio V_H de la inmunoglobulina; así, se introdujo un epítomo de *T. crassiceps*, que es reconocido por los linfocitos T, en la región del *loop* determinante de complementariedad (CDR) del dominio V_H y se expresó sobre la superficie del fago M13. Este fago recombinante se utilizó para inmunizar ratones extremadamente susceptibles a la infección por *T. crassiceps*, obteniéndose una protección muy alta e inclusive total.

Por otra parte, construimos una biblioteca de fragmentos de anticuerpos (scFv) en fagos a partir de células B de ratones inmunizados con el péptido beta-amiloide₁₋₄₂, uno de los causantes de la enfermedad de Alzheimer. Consideramos que las scFv monoclonales obtenidas por bioselección con el péptido pueden ser de interés para el desarrollo de moléculas terapéuticas para esta enfermedad. Además, a partir de una biblioteca humana no inmune de fragmentos de anticuerpos (scFv) en fago filamentosos M13 identificamos mediante bioselección con el péptido beta-amiloide₁₋₄₂, clonas que específicamente lo reconocen. En un ensayo de neuroprotección *in vitro*, pudimos demostrar que también el péptido sintético derivado de la región CDR3 de cadena pesada de scFv es capaz de reconocer al péptido beta-amiloide₁₋₄₂, e inhibir su efecto citotóxico. z



Karen Manoutcharian



Vi-Cell

Viabilidad Celular



Centrifugación de Alto Rendimiento

- Separaciones subcelulares rápidas
- Fuerzas hasta de 110,500 x g
- Tubos de 38.5 ml y 15 ml.

- Glicoproteínas
- Carbohidratos
- DNA
- Caracterización Molecular

Electroforesis Capilar P/ACE MDQ



Beckman Coulter de México, S.A. de C.V.
 Av. Popocatepetl N° 396,
 Col. General Anaya,
 México, D.F. CP 03340
<http://www.beckmancoulter.com>
mearzate@beckman.com
 Tel: 5605-7770 ext. 302
 Fax: 5605-7427



Tópicos Globales en Toxicología Genética y Mutagénesis Ambiental

Septiembre 3 - 8, 2005 San Francisco, California EU.

Informes en: <http://www.icem2005.org/>.

Medicina genómica...

Viene de la página 1

cuantitativamente según se presenten en regiones codificantes (50 de los SNPs) o promotoras del gen, respectivamente. Estudiar estos polimorfismos permite atribuir la variabilidad fenotípica a la genotípica. En algunos casos estos SNPs serán los responsables directos de la susceptibilidad a una enfermedad o sensibilidad (terapéutica o tóxica) a un fármaco, pero en otros, estos polimorfismos simplemente serán marcadores, por su proximidad, de las verdaderas variantes responsables molecularmente, fenómeno conocido como *linkage disequilibrium* o desequilibrio de ligamiento, acerca de lo cual no se aludió en la conferencia.

Cox y sus colaboradores han descubierto que 200 a 300 mil SNPs, de los millones existentes, son representativos y suficientes para estudios de sensibilidad a fármacos o susceptibilidad a enfermedades. Asimismo, un estudio de éstos,

debe incluir de 200 a 500 casos e igual número de controles.

En colaboración con el doctor David Kershenovich, del Departamento de Medicina Experimental de la Facultad de Medicina, Cox participó en un análisis de población mexicana en el que, determinando solamente 300 SNPs, fueron capaces de identificar el componente genético caucásico, otomí y de un grupo mestizo; este último mostró, de manera clara, una mezcla de los componentes de los otros dos. Cox propuso que México es el país ideal para investigación en medicina genómica, tanto por las características genéticas de la población, como por los servicios públicos de salud, que cuentan con pacientes relativamente cautivos. Esperemos que el INMEGEN logre aprovechar esta situación y lance a México a la frontera de la medicina genómica, que tanta expectativa ha generado.⌘

XI Congreso de Carteles

“Dr. Lino Díaz de León”

7 de octubre de 2005

Fecha límite por el envío de resúmenes y carteles: 19 de agosto

Fecha límite de entrega de carteles impresos: 14 de septiembre

Bases y registro:

www.biomedicas.unam.mx/congresocart/congreso.html

Cómo podemos cuantificar un fenómeno subjetivo

Walter García Ubbelohde, Coordinador de Estudios Clínicos Laboratorios Silanes/Instituto Bioclon
Jorge González Subdirector de Estudios Clínicos Laboratorios Silanes

El latroductismo o intoxicación por veneno de viuda negra es un problema médico que se presenta a nivel mundial. Si bien es raro que la intoxicación por veneno de *Latrodectus sp.* sea fatal, si no se trata adecuadamente, la morbilidad suele ser importante, con síntomas que pueden durar en los casos más severos hasta varias semanas.

El veneno está compuesto por alrededor de 15 péptidos, de los cuales el componente tóxico para los vertebrados es la α -latrotoxina. Se trata de un péptido de alrededor de mil aminoácidos que produce, mediante varios mecanismos simultáneos, liberación masiva de neurotransmisores en el sistema nervioso periférico.

El cuadro clínico de intoxicación por veneno de viuda negra varía de intensidad de una persona a otra y en una misma persona con el transcurso del tiempo. Se puede presentar dolor en el sitio de la mordedura, sudoración y piloerección local. Posteriormente el dolor se irradia a lo largo de la extremidad en la que ocurrió la mordedura y finalmente se produce un síndrome de intoxicación generalizada con dolor abdominal y/o torácico, contractura muscular y sudoración profusa generalizada. En algunas ocasiones hay náusea, vómito, malestar general, febrícula e hipertensión. El dolor puede llegar a ser tan intenso que, en los casos en los que no se administra el antiveneno específico, se requieren dosis elevadas de morfina y relajantes musculares. En estos casos el malestar generalizado puede persistir durante semanas.

El tratamiento específico para el envenenamiento por animales ponzoñosos es la utilización de antivenenos. A pesar de que se ha utilizado este recurso terapéutico por más de 100 años, existen sus detractores. Los escépticos del uso de antivenenos esgrimen diversos argumentos: uno de ellos está relacionado con la dificultad para diseñar estudios clínicos con variables objetivas y reproducibles que demuestren su

efectividad terapéutica, sobre todo siendo el dolor un síntoma muy subjetivo. Por otro lado, la relativa alta incidencia de reacciones alérgicas agudas y tardías inclinan la balanza riesgo-beneficio desfavorablemente. Otra preocupación importante es la transmisión potencial de infecciones virales de los animales utilizados para la producción de los antivenenos a los humanos.

Un dato clave de la intoxicación sistémica por veneno de *Latrodectus sp.* es el dolor. La escala análoga visual de dolor (EAV) es un instrumento sencillo y reproducible que ayuda al clínico a darle dimensión a un fenómeno subjetivo. En el Centro de Referencia e Información Toxicológica en Guadalajara, Jalisco, se está realizando un estudio clínico para validar la utilización de la (EAV) en el manejo de pacientes con latroductismo. La EAV es una regla de cartulina horizontal que mide 10 cm. Los pacientes trazan una línea indicando la intensidad de dolor que sienten. El extremo izquierdo de la línea indica libre de dolor y el extremo derecho de la regla indica el máximo dolor que pueden imaginar. El resultado de medición de la distancia entre el extremo izquierdo y la marca registrada por el paciente indica la intensidad del dolor. Este resultado se compara con preguntas relacionadas con la intensidad del dolor, así como con modificaciones en la frecuencia cardíaca, frecuencia respiratoria y presión arterial. Estas últimas reflejan indirectamente el dolor.

Los resultados preliminares del estudio indican que el valor de la escala es directamente proporcional a la respuesta de la intensidad del dolor que experimentan los pacientes; asimismo, valores altos de la EAV se relacionan con alteraciones en los signos vitales, medidas más objetivas del dolor.

En la medida en la que encontremos mejores variables para estudiar fenómenos clínicos difíciles de cuantificar, podremos realizar mejores estudios que comprueben la efectividad de los medicamentos.☞

Genómica parasitaria...

Viene de la página 2

Anopheles gambiae provee una oportunidad única para identificar los genes involucrados en la respuesta inmune innata que confiere resistencia hacia el parásito y el desarrollo de nuevas herramientas para su control. Sin embargo, se debe tomar en cuenta la necesidad de secuenciar vectores de varias áreas geográficas debido a la probable diversidad genética que podría existir entre ellos.

De manera semejante, las secuencias que se expresan en diferentes esquistosomas –parásitos presentes en cuerpos de agua al aire libre– en diversos estadios de vida, permite realizar comparaciones entre ellos y da información sobre los mecanismos evolutivos que incidieron en el asentamiento del filo Platyhelminthes. De esta forma, se han descrito diversos productos génicos asociados a diversas funciones biológicas (adhesión celular, estructura del tejido, diferenciación del eje anterior-posterior) así como mRNAs involucrados en el metabolismo y catabolismo del vector. Algunos de los mRNAs de interés, son los relacionados con el desarrollo, las relaciones hospedero-parásito y los mecanismos a través de los cuales el esquistosoma evade la respuesta inmune. Además los datos del transcriptoma pueden ser utilizados también en el desarrollo de nuevos mecanismos de control de la esquistosomiasis. Por otra parte, la interacción entre parásito y hospedero en un mismo nicho posiblemente favorece el intercambio de material genético entre ellos a través de transferencia horizontal de genes. Por ejemplo, la secuenciación de los genomas de *Schistosoma mansoni* y su hospedero intermediario, un caracol de agua dulce (*Biomphalaria galarabata*), nos permite sugerir genes bacterianos que fueron adquiridos por el parásito vía transferencia horizontal de genes. Quizá la transferencia de estos genes le confiere al parásito especificidad por uno o varios hospederos o inclusive virulencia y patogenicidad. La cuestión que se deriva de este hallazgo es si los genes transferidos horizontalmente pueden ser los genes del parasitismo o factores que le permiten a un organismo adaptarse a un modo de vida parasitario.

Otra de las repercusiones que ha tenido el uso de la genómica en el campo de la parasitología es el desarrollo de métodos diagnósticos más precisos. Tal es el caso del diagnóstico de *Echinococcus granulosus*, un parásito que infecta el intestino de ovejas, vacas, cabras y seres humanos. Las técnicas clásicas de diagnóstico de este parásito involucran la necropsia o purga de los sujetos sospechosos de infección, sin embargo dichas técnicas cuentan con las desventajas de realizarse una vez que la infección está sumamente avanzada o *post mortem*. Además, no pueden utilizarse en estudios epidemiológicos a gran escala ya que son laboriosos y carecen de

sensibilidad. La identificación de coproantígenos es el método más práctico para este propósito; sin embargo, presentan una baja sensibilidad y especificidad. Las secuencias de DNA en tandem son un blanco idóneo para el desarrollo de técnicas de diagnóstico por PCR debido a que éstas son muy abundantes en el genoma de diferentes parásitos, sobre todo helmintos, como *Schistosoma* sp, *Fasciola* sp, *Taenia* sp, y *Echinococcus* sp, además de presentar un alto grado de especificidad. Por esta razón se ha desarrollado un método diagnóstico más sensible y específico para identificar *E. granulosus* por medio de la amplificación por PCR de secuencias repetidas en "tandem" presentes únicamente en el parásito y no en el hospedero o en otros organismos (parásitos, bacterias, levaduras).

Podemos darnos cuenta de que los avances reales que la genómica ha tenido en el campo parasitológico han sido principalmente en los aspectos evolutivo y de diagnóstico. Sin embargo, el advenimiento de nuevas tecnologías desarrolladas a partir de la era genómica (vaccinología inversa, farmacogenómica) enriquecerá sin duda el estudio de las infecciones parasitarias en todos los niveles. Tener la secuencia completa del genoma de los parásitos nos permitirá realizar comparaciones entre ellos mismos y con otras especies para proveer conocimientos sobre sus afinidades y el modo y tiempo relativo de la evolución de componentes celulares clave. El uso de la genómica comparada ilustrará cómo la selección natural asegura que las regiones genéticas funcionales en un organismo sean más conservadas que aquellas no funcionales, por lo que serán determinantes de ciertos procesos en su desarrollo, en su historia evolutiva y en su biología en general.☞



MILLIPORE

*Como Empresa Certificada ISO 9001 - 2000
reforzamos nuestro compromiso con usted*



MILLIPORE, S.A. DE C.V. Tel. (55) 5576 9688 FAX (55) 5576 8706

www.millipore.com.mx

Biobytes

La Tablet PC

jlimón@biomedicas.unam.mx

Hace más de 15 años tuve que hacer un trabajo de edición por computadora en Windows, usando Pagemaker, un programa tipo Publisher bastante conocido, pero que yo nunca había usado. De hecho, nunca había usado ni un *mouse* ni Windows, ni impresoras láser, así que fue una experiencia muy intensa, pues yo estaba a cargo de todo lo de cómputo y se trató de una encerrona de un mes que culminó en 72 horas continuas de trabajo frenético. Como para acabar soñando con *mouses* y teclados ¿no? Pues me fijé la idea de una computadora sin teclado, en la que se escribiera en la pantalla con un teclado que apareciera en la misma pantalla. Y eso es lo que es la Tablet PC,

Yo pensaba que la computadora sin teclado iba a resultar más barata, pero resulta que el teclado virtual sale más caro que uno físico porque la tecnología de pantallas sensibles es más cara que el mismo teclado. De hecho, es común que la Tablet PC traiga un teclado que se puede poner y quitar, así que no se trata de ahorrar sino de poder escribir en la Tablet, y ahora mismo estoy escribiendo esta columna con la pluma, tal como si estuviera escribiendo en una libreta. Ahora me resulta obvio que la razón para usarla es la posibilidad de escribir a

mano libre, la manera más natural de escribir. ¡Es increíble!

Sin embargo, no todo mundo se acostumbra fácilmente a usar una Tablet PC. Usar una Tablet como si fuera una laptop es algo bastante común y el resultado es una laptop muy limitada. Para sacar provecho de una Tablet hay que usarla como Tablet. Hay que dejar el teclado guardado y usar la pluma para escribir. ¡La experiencia es incomparable!

Para escribir en la Tablet es mejor usarla verticalmente, como libreta, pues es posible usar la pantalla vertical u horizontalmente. Pero las hojas de papel son verticales, así que resulta mejor. De hecho, es posible ver revistas electrónicas en la Tablet ¡y quedan perfecto!

El único problema es cuando no reconoce la Tablet lo que estamos escribiendo, ya sea porque la letra no nos salga bien o porque la palabra que queremos escribir no esté en el diccionario (cosa común entre las palabras técnicas que usamos frecuentemente). Pero no hay que desesperarse porque es fácil cambiarse al teclado en la pantalla y allí, no hay pierde.

¿Recomendaría yo la Tablet PC? La respuesta es un enfático sí. ¡Para tomar notas en una reunión o para escribir de manera más natural es algo extraordinario! ☘

Harlan Teklad

Dietas experimentales

Ingredientes

Vitaminas

Minerales



Harlan
MEXICO, S.A. DE C.V.

Tel: (52-55) 5264-8657 y 3887

Fax: (52-55) 5574-3225

harlanmexico@att.net.mx

Desde la Dirección

Mudanza a la nueva sede

Después de varios retrasos, ahora se lleva a cabo la mudanza de los primeros grupos de investigación a las instalaciones de la nueva sede. Concluye la primera etapa que consiste en un edificio de investigación con capacidad para alojar a trece grupos, la planta piloto y la colección microbiana. Afortunadamente, la construcción de los edificios de la segunda etapa mantiene su avance. Esta consiste en el segundo edificio de laboratorios con capacidad para 18 grupos y otro edificio en donde residirán la biblioteca, la sección escolar, el comedor, la administración, el gobierno, entre otros servicios.

Hemos presenciado una mezcla de entusiasmo y temor entre los que se mudan. Entusiasmo por que la nueva sede posee instalaciones indudablemente mejores que las actuales, y temor, porque siempre que se usa una nueva casa surgen detalles que no funcionan, e imprevistos que es necesario resolver con prontitud. Hemos presenciado escenas de trabajadores académicos, administrativos y estudiantes ayudándose mutuamente para hacer más leve la ingrata labor de la mudanza.

Para coordinar el trabajo que es de una complejidad considerable, encomendé a Miguel Morales la conducción de una comisión que tiene como objetivo el que los grupos que se cambian a la nueva sede, interrumpan lo menos posible su trabajo cotidiano. Iniciaremos una etapa en la que nuestros laboratorios de Cd. Universitaria estarán separados físicamente en ambas sedes, aunque nuestra red telefónica y de cómputo estarán totalmente integradas.

La nueva sede ofrece una infraestructura significativamente mejor que la actual. Además se pretenden implementar algunos cambios en el modo de trabajo del personal administrativo adscrito a los laboratorios. Se trata de establecer una mejor organización basada en más adecuadas condiciones y equipos de trabajo.

Sirva este conducto para solicitar a la comunidad Biomédica su mejor disposición en el presente proceso que mejorará nuestras condiciones de trabajo.

Celebremos todos juntos: los que se mudan a la nueva sede y los que nos quedaremos en la actual durante un tiempo más. Es un logro largamente esperado; a fin de cuentas, se trata de un reconocimiento institucional hacia el valor de nuestro trabajo. Enhorabuena. ☘

Juan Pedro Laclette