



# Identifican 8 variantes genéticas de riesgo a diabetes tipo 2 en la población mexicana.

Pág. 4

Alumnos de la LIBB son  
reconocidos en el ISCOMS

Pág. 6

Desarrollan prototipo portátil  
para diagnóstico molecular

Pág. 8



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

**Lic. Sonia Olguin García**

Editor Científico

**Dr. Edmundo Lamoyi Velázquez**

Reportera

**Keninseb García Rojo**

**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. Ofinas: 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 17, número 08. 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 couché de 130g, impresión Offset. Este número se terminó de imprimir el 30 de agosto de 2012 en los talleres de Navegantes de la Comunicación, S. A. de C.V. Pascual Ortiz Rubio 40. Col. San Simón Ticumac, Delegación Benito Juárez CP. 03660, México, D.F.

Información disponible en:

[http://www.biomedicas.unam.mx/buscar\\_noticias/gaceta\\_biomedicas.html](http://www.biomedicas.unam.mx/buscar_noticias/gaceta_biomedicas.html)

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.

# Contenido

agosto, 2012

Comunidad Biomédica  
Vinculación en la UNAM

3

Identifican 8 variantes genéticas  
de riesgo a diabetes tipo 2  
en la población mexicana

4

Alumnos de la LIBB  
son reconocidos  
en el International  
Institute Congress  
of (bio) Medical Sciences

6

Desarrollan prototipo portátil  
para diagnóstico molecular

8

Curan con anticuerpos  
monoclonales a monos  
infectados con el virus Ébola

10

La microbiota y su  
participación en la obesidad y  
las enfermedades intestinales

12

SILANES  
Consideraciones sobre  
el convenio acerca del  
procedimiento  
acelerado de patentes  
(PPH), firmado entre la  
USPTO y el IMPI

14

IN MEMORIAM  
Guillermo Mendoza Hernández

15

Red Biomédica  
Lo que usted  
debe saber de *Dropbox*

16



DEFENSORÍA DE  
LOS DERECHOS  
UNIVERSITARIOS

ACADÉMICOS Y ESTUDIANTES:

La defensoría hace valer sus derechos  
Emergencias las 24 h. al teléfono 5528-7481  
Lunes a viernes de 9:00 a 14:00 y de 17:00 a 19:00 h

Edificio "D" nivel rampa, frente a Universum,  
Circuito Exterior, CU, estacionamiento 4  
Teléfonos: 5622-6220 al 22, fax: 5006-5070  
[ddu@servidor.unam.mx](mailto:ddu@servidor.unam.mx)

# Vinculación

## en la UNAM

**QFB. Martha Carrasco**  
Coordinación de Vinculación IIB

Dadas las capacidades y el potencial que tiene la UNAM para generar conocimientos, y del flujo positivo que deben tener estos hacia nuestra sociedad; en el 2008, la rectoría creó la Coordinación de Innovación y Desarrollo (CID) con el objetivo de estimular la innovación y propiciar el aprovechamiento de los conocimientos, tecnologías y servicios tecnológicos de la UNAM por parte de la sociedad mexicana, a través de una mayor vinculación con los sectores público, social y privado.

Para cumplir con la misión de esta coordinación, el doctor Sergio M. Alcocer, coordinador de la CID se ha enfocado en el fortalecimiento de las redes internas y externas de colaboración con las áreas de vinculación de las entidades académicas de la UNAM y de diferentes sectores sociales, respectivamente.

La CID, al interior de la UNAM coordina a las áreas de vinculación de las dependencias universitarias, colaborando con ellas para lograr:

- El fortalecimiento de un marco regulatorio sobre la participación del personal académico, estudiantes y trabajadores en proyectos de investigación y desarrollo tecnológico.
- Brindar el apoyo para el aprovechamiento de oportunidades como becas fondos financiamientos etc.

- La estandarización de tarifas para el cobro de servicios tecnológicos e investigación, en el desarrollo de un sistema de manejo de conocimiento y en la certificación de procesos y acreditación de laboratorios.

Con estas acciones, la CID pretende reflejar una visión unificada ante la sociedad; integrar grupos y proyectos multidisciplinarios; mejorar los servicios y la satisfacción del cliente; simplificar las tareas de vinculación e incrementar los proyectos y soluciones para organismos y empresas de los sectores público, social y privado.

La CID además de desempeñar el papel de la Oficina de Transferencia de Conocimientos de la UNAM, coordina la participación de la Universidad en los parques tecnológicos y dirige el Sistema InnovaUNAM o incubadora de empresas; la cual asesora a la comunidad universitaria para la creación y desarrollo de empresas de base tecnológica, y le brinda apoyo en la formación de empresarios en el ámbito nacional e internacional y a través de asesorías en los procesos de incubación.

Dentro de las actividades que ha iniciado la CID para el fortalecimiento de las redes estratégicas de vinculación externas, se encuentra la Feria de Innovación, realizada el 29 de agosto en el Instituto de Fisiología Celular con el objetivo de propiciar la colaboración entre la Universidad y las empresas del sector de salud, a través de la

presentación de los servicios especializados que ofrece la UNAM y de proyectos desarrollados por los académicos que ya cuentan con el trámite de patentes.

En este evento, el Instituto de Investigaciones Biomédicas participó con 6 proyectos de los grupos de investigación de las doctoras Angélica Zepeda, Edda Sciutto, Norma Bobadilla y Romina Rodríguez, y con la presentación de los servicios que ofrecen las Unidades de Microscopía y Bioprocesos.

Como resultado de este evento, dos empresas manifestaron su interés por tecnologías desarrolladas en Biomédicas, con miras a una posible colaboración para la transferencia de tecnología.

En estas actividades la Coordinación de Vinculación del IIB a mi cargo, funge como enlace entre los investigadores y la CID, además apoya a los académicos del IIB en las actividades que se desprenden del proceso de transferencia de tecnología y servicios tecnológicos, así como con asesorías en la materia.

Los investigadores de la Comunidad Biomédica cuyo trabajo de investigación ha tenido como resultado un conocimiento, herramienta o elemento susceptible de ser patentado y/o de ser transferido, puede contactarme en el correo: [martecf@biomedicas.unam.mx](mailto:martecf@biomedicas.unam.mx) o bien al teléfono 56 22 89 13. 

# Identifican 8 variantes genéticas de riesgo a diabetes tipo 2 en la población mexicana

Keninseb García

El grupo de la doctora Teresa Tusié, de la Unidad periférica del Instituto de Investigaciones Biomédicas (IIB) en el Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición “Salvador Zubirán” (INNSZ), publicó recientemente en la revista *Diabetes*, el estudio “Contribution of Common Genetic Variation to the Risk of Type 2 Diabetes in the Mexican Mestizo Population”<sup>1</sup>, en el que se identificaron 8 variantes genéticas asociadas al riesgo de padecer diabetes tipo 2 en sujetos de la población mestiza-mexicana.

La doctora Tusié explicó que ya se han hecho múltiples estudios de asociación de variantes genéticas en poblaciones europeas y asiáticas, pero pocos de ellos se han realizado en poblaciones con ancestría amerindia, y en específico en la población mexicana, por lo que su grupo se propuso investigar en individuos mestizos mexicanos, la participación de 24 de las variantes genéticas comunes identificadas, previamente relacionadas al riesgo de padecer diabetes tipo 2 en otras poblaciones.

Mediante un estudio de asociación caso-control que incluyó más de 2 mil individuos, el grupo de la doctora Tusié encontró que la diabetes tipo 2 puede relacionarse con la presencia de SNP’s (polimorfismos de un solo nucleótido) en los genes SLC30A8, HHEX, CDKN2A/2B, IGF2BP2, CDC123/CAMK1D, y KCNQ1; mientras que una variante del gen CDKAL se encontró asociada a la diabetes tipo 2 en individuos no obesos y otra variante particular del gen TCF7L2, se asoció a la diabetes tipo 2 en individuos jóvenes, diagnosticados antes de los 45 años.

La doctora Tusié considera que los hallazgos relacionados con las variantes de los genes TCF7L2 y CDKAL sugieren que algunos genes podrían participar de

forma diferente en algunos subtipos de la enfermedad, pues ninguna de dichas variantes fueron identificadas como de riesgo en la población completa, pero sí en pacientes con inicio temprano de la enfermedad y en diabéticos no obesos, respectivamente. Este estudio que incluyó el mayor número de individuos estudiados a la fecha para la población mexicana, incorporó también información de 104 marcadores de ancestría, distribuidos en todo el genoma y validados previamente como marcadores útiles para el ajuste por ancestría en estudios de asociación caso-control.

La doctora Tusié enfatizó en que en la actualidad, el interés por realizar estudios genéticos como éste se debe a que proporcionan información sobre “qué genes y en qué combinaciones están causando los defectos celulares, metabólicos y bioquímicos relacionados con el desarrollo de la enfermedad”.

Por ejemplo, otro trabajo del grupo de la doctora Tusié, publicado en *Human Molecular Genetics* en 2010<sup>2</sup>, sobre la identificación de variantes de los genes involucrados en el desarrollo de diabetes, reporta el hallazgo de una variante del gen transportador de colesterol ABCA1, que está relacionada con la incapacidad de la célula beta para deshacerse de dicho lípido, pues en un modelo *in vitro* se observó que las células que presentan la variante C230 del gen, tienen una reducción del flujo de salida del colesterol de alrededor de 30 por ciento.

La investigadora de la Unidad de Biología Molecular y Medicina Genómica del IIB en el INNSZ señaló que dicha variante “determina que la proteína (que codifica el gen ABCA1) sea menos eficiente transportando el colesterol, que éste se acumula y altera de manera gradual

el funcionamiento de la célula beta, incluyendo su capacidad de secreción de insulina”.

“Sabemos que esta variante sólo está presente en poblaciones amerindias, se trata de una variante que se conservó o se generó en los antiguos pobladores de América, y que ahora existe con alta frecuencia entre los pobladores actuales del continente Americano. Esta variante se relaciona probablemente con un mecanismo de lipotoxicidad por colesterol de la célula beta pancreática, un mecanismo que puede ser relevante en la fisiopatología de la diabetes en México”, apuntó la doctora Tusié.

Además, los investigadores asociaron el alelo C230 con bajos niveles de colesterol HDL —una lipoproteína conocida como “colesterol bueno”, encargada de la remoción intracelular del colesterol— y con un mayor índice de masa corporal, cuando se analizaron en conjunto algunas poblaciones indígenas de América.

## Mapeo del genoma amerindio

La doctora Tusié coordina desde 2010, un proyecto para identificar los genes de riesgo para diabetes tipo 2 en población mestiza mexicana, a través de estudios de asociación al genoma completo. Este proyecto forma parte de una colaboración internacional, establecida entre el Instituto Nacional de Medicina Genómica y el Instituto Broad de Boston, para identificar el componente genético de riesgo para diabetes y cáncer en poblaciones Latinoamericanas.

Detalló que el proyecto con el Instituto Broad y el INMEGEN, iniciado hace 2 años, consiste en un estudio de asociación del genoma completo (en inglés, GWAs),

que reúne alrededor de 5 mil muestras (entre casos y controles) de individuos de la población mexicana, para probar una plataforma de 2.5 millones de SNP's que permita definir cuáles son los alelos que están con mayor frecuencia en individuos con diabetes tipo 2 al compararlos con los sujetos control.

La investigadora dijo que, conocer las variantes de secuencias del genoma más frecuentes en poblaciones amerindias, principalmente mexicanos, asociadas al desarrollo del padecimiento es fundamental, debido a que "en las formas más comunes de diabetes pueden existir entre 50, 30 genes participantes. Cada uno aporta un efecto modesto sobre el riesgo, la combinación de un conjunto de genes junto con el factor ambiental, es lo que detona la enfermedad".

"Es importante entender los mecanismos finos implicados en el origen de la enfermedad con la idea final de poder dirigir los tratamientos a los mecanismos alterados a nivel celular", pues los fármacos que se emplean actualmente se dirigen a corregir mecanismos generales, explicó la investigadora del IIB.

La doctora Tusié consideró que este estudio ofrece información útil no sólo sobre "la participación de genes que no hubieran podido ser identificados en población europea o asiática, por la frecuencia con que ocurren estas variaciones en otras poblaciones, sino que orienta sobre otros mecanismos fisiopatológicos, no identificados previamente, que involucran la disfunción de otros órganos, no necesariamente la disfunción de la célula beta pancreática".

Aclaró que el estudio recientemente publicado en la revista *Diabetes*, de la Asociación Americana de Diabetes, explora el componente europeo del genoma de la población mestiza mexicana, pues "todas las plataformas que se han desarrollado para identificar variaciones en el genoma parten de información de población europea".

"La genética ha logrado un avance muy importante en la identificación de los mecanismos celulares y bioquímicos que participan en el desarrollo de la diabetes tipo 2. Se podría pensar que los estudios genéticos están más orientados a la predicción o prevención, pero en este momento aportan información valiosa sobre las vías metabólicas implicadas", señaló la doctora Tusié y consideró que el siguiente paso será hacer que los hallazgos en el ámbito de la investigación básica, que se han obtenido en los últimos años, puedan ser aplicados al tratamiento de los pacientes con diabetes. 

<sup>1</sup>Gamboa Meléndez MA, et. al. Contribution of Common Genetic Variation to the Risk of Type 2 Diabetes in the Mexican Mestizo Population. *Diabetes*. August, 24, 2012. doi: 10.2337/db11-0550

<sup>2</sup>Acuña-Alonzo V, et. al. A functional ABCA1 gene variant is associated with low HDL-cholesterol levels and shows evidence of positive selection in Native Americans. *Human Molecular Genetics*, 2010, Vol. 19, No. 14 2877–2885. doi:10.1093/hmg/ddq173

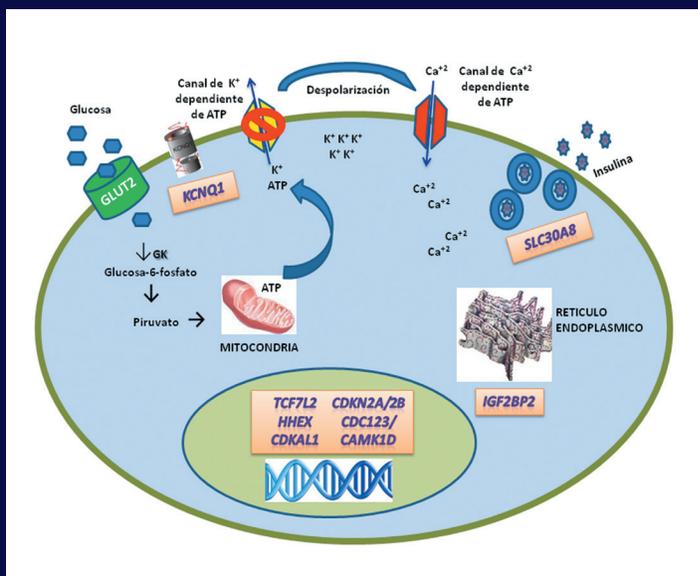
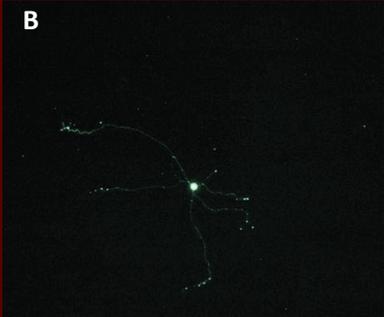
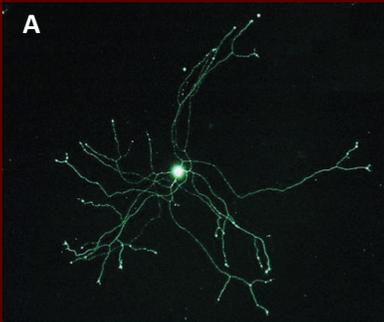


Diagrama esquemático de la célula beta del páncreas. Se representa la localización subcelular propuesta de las proteínas codificadas por los genes asociados a Diabetes Tipo 2 en la población Mestiza-Mexicana.

# Alumnos de la LIBB

son reconocidos en el  
**International Student Congress  
of (bio) Medical Sciences**

Sonia Olguin García



Neuronas simpáticas del SCG.  
A) Neurona tratada con 2.5 ng/mL de NGF.  
B) Neurona tratada con 2.5 ng/mL de NGF  
y 100 ng/mL de BDNF.

Rodrigo Pérez realizó una estancia de dos meses, como parte del programa BUSS (Biology Undergraduate Summer School), en una escuela de verano en la Universidad de Zürich.



Rodrigo Pérez Ortega y Marti Cadena Sandoval, alumnos de la Licenciatura en Investigación Biomédica Básica recibieron el reconocimiento al mejor póster en las sesiones de las áreas de biología celular y oncología, respectivamente, en el International Student Congress of (bio)Medical Sciences (ISCOMS) realizado el pasado mes de junio en Groningen, Países Bajos.

El comité organizador del ISCOMS con la ayuda de investigadores experimentados y profesores, realiza una primera selección de los trabajos que fueron presentados en tres diferentes formas: sesión plenaria, sesión oral o póster.

Se realizan alrededor de 30 sesiones de carteles en dos días. Cada sesión, con un tema propio, es presidida por un investigador con experiencia en ese campo en conjunto con un estudiante del comité organizador del ISCOMS, quienes al final de cada sesión, anunciaron al ganador de la jornada.

## NF- $\kappa$ B y el crecimiento neuronal

El poster “p75 neurotrophin receptor mediates neurite growth inhibition caused by BDNF through NF- $\kappa$ B” de Rodrigo Pérez Ortega muestra el trabajo realizado durante su rotación anual de la LIBB en el laboratorio del doctor Humberto Gutiérrez del Instituto de Fisiología Celular, con el cual aportan información relevante para el entendimiento de la regulación del crecimiento neuronal mediada por el factor de transcripción NF- $\kappa$ B, la cual ha sido un tema de estudio complejo y muy interesante en los últimos años.

Rodrigo Pérez explicó a *Gaceta Biomédicas* que el factor de crecimiento neuronal (NGF, por sus siglas en inglés) y el factor derivado del cerebro (BDNF) pertenecen a una familia de neurotrofinas que controlan el crecimiento y la supervivencia de numerosas poblaciones de neuronas. Durante el desarrollo, dijo, el NGF promueve el crecimiento axonal en las neuronas simpáticas del ganglio superior cervical a través del receptor tirosin-cinasa TrkA y el receptor general de neurotrofinas p75 (p75NTR). Por su parte, el BDNF ejerce una fuerte influencia inhibitoria en el crecimiento axonal en estas neuronas, aún cuando éstas no expresan el receptor de alta afinidad BDNF, TrkB. La ausencia de TrkB en estas neuronas, en conjunto con evidencias previas, indica que la influencia inhibitoria del BDNF funciona a través de p75NTR. Sin embargo, los mecanismos de tal inhibición permanecen desconocidos.

El factor nuclear kappa B (NF- $\kappa$ B) es un factor de transcripción que se expresa en casi todas las células animales. Recientemente se ha demostrado que este factor de transcripción regula el crecimiento de procesos neuronales en el desarrollo del sistema nervioso periférico y central. Las neurotrofinas activan a los receptores tirosin-cinasa TrkA, TrkB y a p75NTR que activan la cascada de señalización que lleva a la liberación y translocación al núcleo de NF- $\kappa$ B.

Por otra parte, el péptido SN50 inhibe el paso de NF- $\kappa$ B al núcleo, y dado que p75NTR es un conocido activador de NF- $\kappa$ B, propusieron demostrar que la inhibición del crecimiento causada por BDNF está directamente relacionada con la regulación de la actividad transcripcional de NF- $\kappa$ B.

Los principales resultados que obtuvieron son que el BDNF inhibe el crecimiento neurítico promovido por NGF en neuronas simpáticas y también inhibe la actividad transcripcional de NF- $\kappa$ B. Además, la inhibición de NF- $\kappa$ B (utilizando el péptido SN50) puede, por sí misma, inhibir el crecimiento neurítico promovido por NGF en neuronas simpáticas.

Estos estudios les permiten sugerir que, dado que la interrupción de la actividad de NF- $\kappa$ B es suficiente para inhibir el crecimiento axonal en neuronas simpáticas, la inhibición del crecimiento causada por el tratamiento con BDNF es el resultado de la inhibición de la actividad transcripcional de NF- $\kappa$ B mediada por p75NTR.

Rodrigo Pérez realizó una estancia de investigación de dos semanas como parte del ISCOMS Research Fellowship (IRF) en el departamento de Neurociencias de la división de Fisiología Médica de la Universidad de Groningen, con el grupo de investigación de los doctores Erick Boddeke y Bart Eggen, quienes son expertos en aspectos inmunológicos y celulares de la microglia.

Posteriormente, Rodrigo Pérez inició una estancia de dos meses, como parte del programa BUSS (Biology Undergraduate Summer School) en una escuela de verano en la Universidad de Zürich, Suiza, con el grupo del doctor Urs Greber (conocido virólogo especializado en la biología celular de la infección de adenovirus y rinovirus), en donde estudió la respuesta inmune a la infección de adenovirus. También realizó ensayos de superinfección (una infección primaria con un virus y después una secundaria con otro tipo de virus similar). A su regreso realizará su rotación de tercer año de la LIBB con la doctora Leticia Rocha Zavaleta del IIB.

### Los receptores a hormonas esteroides

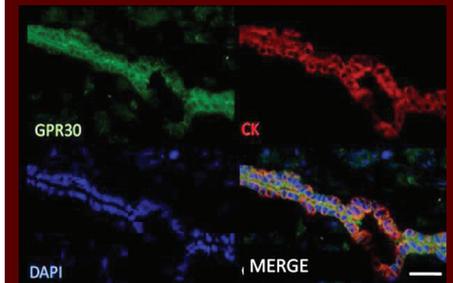
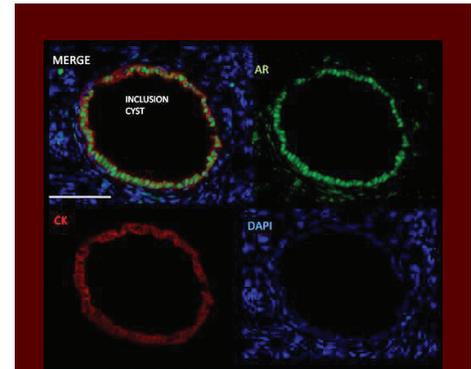
Marti Cadena participó en la sesión de Oncología y su poster "Steroid hormone receptor expression in ovaries from Mexican women with gynecological pathologies" fue seleccionado como el mejor.

El trabajo presentado aborda el estudio de las hormonas esteroides y su relación con el cáncer epitelial del ovario, enfocado a encontrar diferencias en la expresión de los receptores a hormonas esteroides en las lesiones precursoras de esta neoplasia, ya que es el mecanismo por el cual la célula puede responder, y porque hay teorías que sostienen que estas hormonas podrían participar en el cáncer epitelial del ovario.

El estudiante realizó su investigación en la Facultad de Medicina bajo la asesoría de los doctores Enrique Pedernera, Carmen Méndez y Verónica Díaz, quienes colaboran, gracias al apoyo de DGAPA, PAPIIT y IACOD, con el INCAN para la obtención de ovarios de mujeres que tienen patologías ginecológicas como cáncer cervicouterino o cáncer de endometrio, para analizar si hay alguna alteración en la expresión de los receptores.

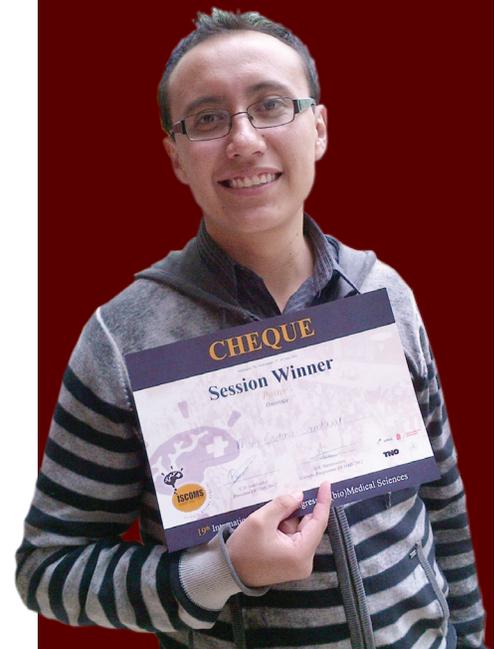
Marti Cadena analizó la expresión del receptor a andrógenos y de la proteína transmembranal GPR 30 que se asocia al receptor a estrógenos y su relación con cada patología. Observó que en algunas patologías dependientes de estrógenos disminuía el receptor a andrógenos, por lo que es posible que los andrógenos tengan alguna participación en el desarrollo del cáncer epitelial del ovario. El grupo de investigación continuará con otros estudios que contengan una muestra más representativa porque sólo analizaron 37 ovarios. También están trabajando en el análisis de tumores de ovario para conocer si el cambio en la expresión de los receptores está directamente relacionado con el cambio de la fisiología normal del ovario en células cancerígenas.

Actualmente Marti Cadena colabora con el grupo del doctor Luis Servín del IIB participando en el proyecto de investigación sobre el sistema de restricción de DNA metilado de *Streptomyces coelicolor*. [f](#)



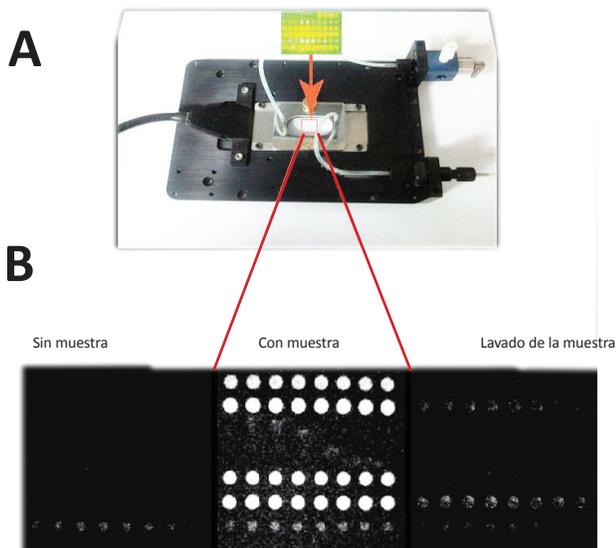
Immunofluorescencia para AR y GPR30 en estructuras epiteliales de ovario.

Actualmente Marti Cadena colabora con el grupo del doctor Luis Servín del IIB, participando en el proyecto de investigación sobre el sistema de restricción de DNA metilado de *Streptomyces coelicolor*.

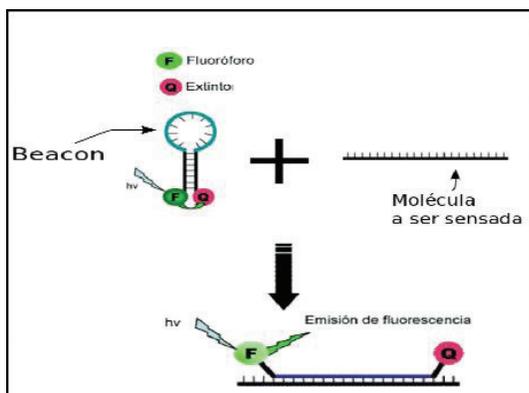


# Desarrollan prototipo portátil para diagnóstico molecular

Sonia Olguin



Se muestra una imagen de los elementos que componen al sistema y una representación del micro arreglo una vez que los faros moleculares han sido excitados.



Ejemplificación de la configuración y funcionamiento de los faros moleculares

El grupo de investigación de la doctora Angélica Zepeda del departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental del IIB, en colaboración con el grupo del doctor Luis Vaca del Instituto de Fisiología Celular, trabajan en el desarrollo de un aparato portátil que permita detectar en tiempos cortos, la presencia de patógenos en una muestra, con la finalidad de realizar un diagnóstico oportuno y certero, para evitar la propagación de enfermedades contagiosas que hoy en día se da a gran velocidad por la movilidad de las personas.

El fundamento del aparato es el reconocimiento de secuencias específicas de ácidos nucleicos de patógenos que se pegarían a una secuencia blanco prediseñada en forma de faros moleculares y en la aplicación de los principios ópticos de la microscopía de reflexión interna total de fluorescencia (TIRF por sus siglas en inglés) para la detección de la señal.

El desarrollo esta formado por un sistema cerrado en el que se introduce una laminilla de sílice que tiene cientos de faros moleculares (sondas de ácido ribonucleico, oligonucleótidos del tipo tallo asa) impresos a manera de microarreglos. Estos faros tienen una estructura parecida a la de los pasadores para el cabello, la cual permite incluir en

uno de sus extremos un indicador fluorescente, y en el otro un silenciador de la fluorescencia del indicador. Cuando sus extremos están próximos, el faro no produce fluorescencia, pero cuando la secuencia de ácidos nucleicos de interés contenida en la muestra biológica coincide con la secuencia de ácidos nucleicos que conforman una región del faro, la estructura de éste último sufre un cambio de conformación química que permite que el fluorocromo se pueda excitar y detectar.

En entrevista, la doctora Angélica Zepeda explicó que decidieron utilizar la tecnología TIRF que se basa en una propiedad óptica de la luz que es la onda evanescente, ya que esta posee una ventaja fundamental sobre la microscopía óptica convencional, que es la alta relación señal/ruido.

El prototipo cuenta con un sistema TIRF de luz angulada, con lo que el haz de luz está continuamente dirigido a la interfase que se genera entre el vidrio en que están impresos los faros y la muestra líquida. Este diseño permite que el sistema de iluminación de la muestra esté siempre en el ángulo óptimo para la excitación de los fluoróforos, evitando la necesidad de manipularle. La segunda y tercera versión de este aparato tiene ya un sistema de lectura de la señal de los faros moleculares, cuando estos se encuentran con una secuencia que coincide con la secuencia blanco, se traduce en señal luminosa para la persona que lee la muestra, lo que ayuda a hacer una detección muy precisa y evita falsos negativos y falsos positivos.

La doctora Angélica Zepeda consideró que el prototipo que están desarrollando cumple con los requerimientos necesarios con los que debe contar un método diagnóstico para evitar una epidemia, es

decir que sea de fácil aplicación, que de resultados rápidos y certeros y que tenga bajo costo para que pueda ser usado de forma masiva.

Cuenta con dispositivos diseñados para introducir una muestra líquida (saliva, sangre, orina, etc.) y para hacer el reconocimiento sin necesidad de tratar la muestra, lo cual se traduce en velocidad de detección; el ahorro de tiempo en un diagnóstico es crucial para un tratamiento oportuno. Este equipo produce un resultado en aproximadamente 25 segundos, mientras que un diagnóstico convencional de AH1N1 y de diversas infecciones virales como hepatitis o HIV tarda aproximadamente tres horas, debido a que se realiza por medio de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real que tarda alrededor de 1 hora, más el tiempo requerido para el análisis de sus resultados y la emisión de un reporte.

Agregó que un impedimento para la realización de análisis masivos es el costo, el cual se abatiría significativamente con la producción masiva del equipo; sería cientos de veces más económico que un termociclador de tiempo real y el precio por reacción también se reduciría con este sistema, ya que al producirse en serie los microarreglos de faros moleculares para la detección de las secuencias propias de cada patógeno tendría un costo de alrededor de un dólar. Y cada microarreglo se podría reutilizar hasta 10 veces.

El prototipo, desarrollado con el apoyo del Instituto de Ciencia y Tecnología del Gobierno del Distrito Federal, ya ha sido probado para hacer diagnósticos del virus de la influenza AH1N1, H1N2, H2N2 y de ántrax pero por su diseño, una vez que esté terminado podrá ser utilizado además para identificar mutaciones de interés en genes previamente seleccionados, o bien para determinar niveles de expresión de RNAs mensajeros (mRNA) de interés médico (como un microarreglo típico, pero mucho más sensible y fácil de aplicar). Ya incluye el software de lectura, lo que posibilita que una persona con capacitación mínima realice el diagnóstico, solo con la muestra biológica.

La investigadora comentó que la parte de óptica del prototipo está desarrollada en su totalidad pero la parte de envío de datos (vía *bluetooth*) y de análisis de imágenes aún se están trabajando. La patente de este desarrollo ya está en trámite.

El problema fundamental al que se han enfrentado los investigadores ha sido la falta de recursos, por ello los investigadores están ahora en la búsqueda de empresas interesadas en el prototipo para iniciar un co-desarrollo o bien para que compren el prototipo en su estado actual, que ya es muy avanzado. [f](#)

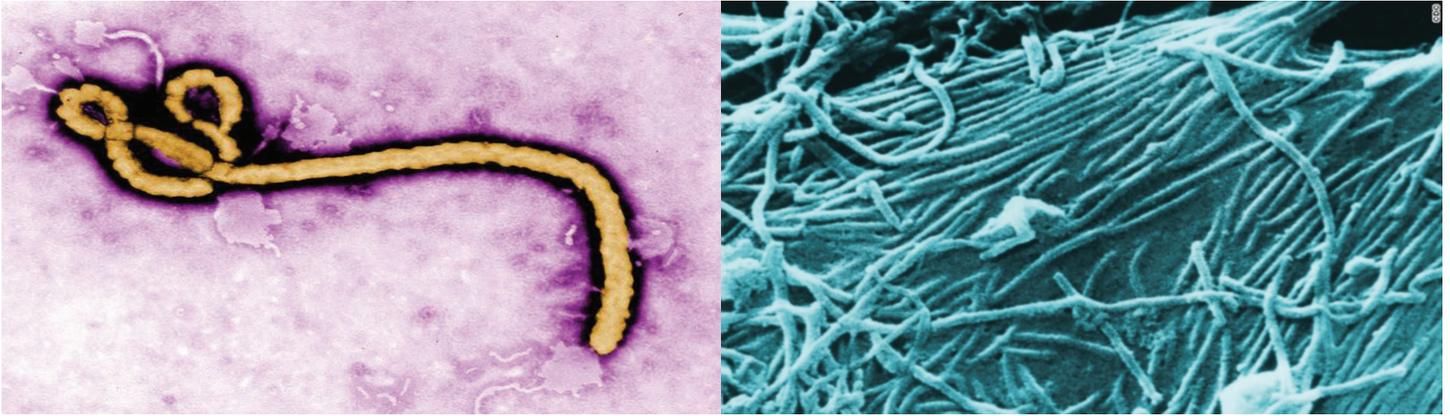
**El prototipo, desarrollado con el apoyo del Instituto de Ciencia y Tecnología del Gobierno del Distrito Federal, ya ha sido probado para hacer diagnósticos del virus de la influenza.**

Dra. Angélica Zepeda



# Curan con anticuerpos monoclonales a monos infectados con el virus Ébola

Keninseb García



En julio de este año, el Ministerio de Salud de Uganda reportó un brote de fiebre hemorrágica del Ébola en una provincia de ese país; y según los últimos informes, hasta los primeros días de agosto acumulaba 60 casos sospechosos, 16 de ellos mortales.

La OMS considera que las infecciones por el patógeno —de la familia de los filovirus— son un serio problema de salud pública porque causan una enfermedad contagiosa con una tasa de mortalidad de cerca de 90 por ciento, no existe vacuna para contrarrestarla y el tratamiento farmacológico sólo es exitoso cuando se administra antes o pocos minutos después de la infección. De ahí el interés de los sistemas de salud pública por desarrollar tratamientos más efectivos que incrementen la supervivencia después de la exposición al virus.

Tras la confirmación del primer caso el 28 de julio en el distrito de Kibale, mediante pruebas de laboratorio realizadas en el Instituto de Investigaciones Viroológicas de Uganda, las autoridades locales organizaron un grupo de trabajo para atender la emergencia, integrado por representantes de la OMS, los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC) de Estados Unidos, la Cruz Roja y Médicos Sin Fronteras.

Epidemiólogos de la OMS y de los CDC de Estados Unidos llegaron a la capital del país africano para colaborar en la detección

de casos sospechosos, sobre todo entre las personas que tuvieron contacto directo con los infectados, pues el virus se transmite a través de los líquidos corporales como sangre, saliva, sudor, orina o vómito.

Organizaciones como Médicos Sin Fronteras iniciaron la construcción de varios centros de aislamiento para los pacientes, a fin de frenar el contagio y 20 estaciones de radio estuvieron difundiendo mensajes con información sobre el virus y sus vías de transmisión en 11 lenguas locales.

## Anticuerpos monoclonales contra la multiplicación del virus

Ante la posible emergencia de una epidemia de fiebre hemorrágica por virus del Ébola, en junio pasado un grupo de científicos del National Microbiology Laboratory de Canadá y de la University of Manitoba, publicó en la revista *Science Translational Medicine* un estudio en el que se demuestra que la combinación de tres anticuerpos monoclonales dirigidos contra tres regiones diferentes de la glicoproteína de la superficie del virus Ébola, suministrada a macacos (*Macaca fascicularis*) 24 y 48 horas después de la infección aumenta la tasa de supervivencia y no ocasiona efectos secundarios.

En el experimento de los investigadores canadienses, ocho macacos fueron tratados con una combinación de los anticuerpos monoclonales denominado Z MAb. Cuatro

de estos animales recibieron la primera de tres dosis del tratamiento 24 horas después de la infección, y los cuatro monos restantes la recibieron 48 horas después.

Todos los animales que recibieron 3 dosis durante 3 días, la primera dosis 24 horas después de la infección sobrevivieron y no se observaron efectos secundarios; mientras que en el segundo grupo, la supervivencia fue de 50 por ciento. Los monos que sobrevivieron mostraron una respuesta inmune específica humoral y también mediada por células contra el virus Ébola.

Los investigadores consideran que las tasas de 100 y 50 por ciento de supervivencia observadas en su estudio pueden deberse a que el tratamiento reduce la multiplicación del virus y que esto dio tiempo suficiente para desarrollar una respuesta inmune.

Además señalan, en el artículo titulado "Successful Treatment of Ebola Virus-

Infected Cynomolgus Macaques with Monoclonal Antibodies", que las personas llegan a las clínicas a recibir atención médica varios días después de la infección, hasta que aparecen síntomas como vómito, diarrea, erupción cutánea, disfunción renal y hepática o hemorragias generalizadas; lo que, aunado a la alta letalidad del virus, reduce el tiempo disponible para combatir la enfermedad.

Por ello, consideran que un protocolo terapéutico que se administre 24 horas después de la infección, como el que proponen en su estudio, podría ser más adecuado que el actual, que se administra dentro de la primera hora posterior al contagio, cuando es menos probable sospechar de la infección porque aún no se han manifestado los síntomas.

Así mismo, señalan que los anticuerpos monoclonales son una prometedora opción de tratamiento y que pueden ofrecer soluciones concretas a este problema de salud pública, pues obtuvieron mejores resulta-

dos en su estudio con estos anticuerpos de la cepa Zaire, que en otros ensayos en los que se han utilizado anticuerpos policlonales de la cepa KZ52 en macaco *Rhesus*, o incluso al comparar ambas clases de anticuerpos en el modelo de cobayo, como se menciona en el artículo.

Sin embargo, tendrán que realizarse más estudios para optimizar la composición del tratamiento, la dosis y el tiempo en que debe ser administrado, antes de aplicar esta terapia en humanos, apuntó el editor de la publicación.

En tanto, la oficina de la OMS en Uganda manifestó en un comunicado tener confianza en que, con el apoyo otorgado por diversas organizaciones, será posible detener el brote en los próximos meses, pero advirtió que se necesitan más recursos para pagar a más profesionales sanitarios, abastecer a los centros de atención médica de los insumos necesarios e informar ampliamente a la población sobre las medidas de protección personales y familiares. 

## El virus se transmite a través de los líquidos corporales como sangre, saliva, sudor, orina o vómito.

## Radio UNAM informa también en Redes Sociales

¡La información universitaria y cultural!

Comentarios de especialistas e investigadores universitarios

Noticias



Cápsulas



Seriales



Reportajes



Y mucho más...



 Radio UNAM Noticias

 @RadioUNAMNoti

Radio UNAM informa  
Lunes a viernes de 8:00 a 8:30 am por el 96.1 de FM y 860 de AM  
[www.radiounam.unam.mx](http://www.radiounam.unam.mx)



# La microbiota y su participación en la obesidad y las enfermedades intestinales

## Proyecto Meta HIT descifra “nuestro otro genoma”

Keninseb García Rojo

Se calcula que el número de microorganismos que habitan en nuestro cuerpo (microbiota humana) supera en 10 veces el número de nuestras células y en conjunto poseen un genoma no redundante 150 veces mayor que el genoma humano. La mayoría de los microorganismos se encuentran en el intestino (microbiota intestinal) y algunos autores consideran que son cruciales para la vida humana por su importancia para nuestra fisiología y nutrición, incluso es considerado como otro órgano de nuestro cuerpo. Las bacterias del cuerpo humano pertenecen a cuatro tipos (phyla) Actinobacteria, Proteobacteria, Bacteroidetes y Firmicutes, los dos últimos constituyen el 90 por ciento de las bacterias en el intestino grueso.

La microbiota intestinal contribuye a que nuestro cuerpo aproveche la energía de los alimentos, por ejemplo, participa en la degradación de carbohidratos y en la síntesis de ácidos grasos de cadena corta y aminoácidos esenciales y vitaminas. Actualmente se postula que cambios en este grupo de microbios pueden estar relacionados con enfermedades crónicas o con la obesidad, por ejemplo, apuntó el doctor Hervé Blottière, del Instituto Nacional de Investigación Agronómica de Francia (INRA) durante el seminario dictado en el IIB.

### Metagenoma

El INRA coordina desde 2008 el programa Meta HIT (Metagenomics of the Human Intestinal Tract) en el que participan 8 países (Francia, China, Dinamarca, Alemania, España, Italia, Reino Unido y los Países Bajos), es financiado por la Comisión Europea y tiene como principal objetivo caracterizar los microorganismos intestinales secuenciando sus genomas, sin necesidad de cultivarlos—un enfoque llamado metagenómica— para poder establecer su relación con la salud y la enfermedad, enfocándose especialmente en la enfermedad inflamatoria intestinal y la obesidad. Al respecto el doctor Blottière comentó que diversos estudios demuestran que existen diferencias significativas entre el metagenoma (todo el material genético de una muestra que consiste del genoma de diversos microorganismos) de individuos sanos, obesos o con enfermedades inflamatorias intestinales, agregó.

En el marco del programa Meta HIT, se secuenció el ADN de 124 muestras fecales de adultos europeos sanos, obesos o con sobrepeso y con enfermedad inflamatoria intestinal, para tener un catálogo con los genes microbianos intestinales prevalentes no redundantes. Se encontraron 3.3 millones de genes microbianos no redundantes, de los cuales más de 99 por ciento son de bacterias y sólo 0.1 por ciento corresponde a eucariotes y virus.

De esta manera, fue posible identificar las funciones bacterianas necesarias para que las bacterias puedan crecer en el intestino (genoma mínimo del intestino) y otras relacionadas con la homeostasis de todo el ecosistema, las cuales son codificadas por varias especies de microorganismos (metagenoma mínimo del intestino).

Para caracterizar dichas funciones, el grupo de científicos clasificó los resultados de la secuenciación de las muestras en diferentes grupos de genes, a partir de los que se pudo identificar a aquellos que desempeñan las funciones esenciales de una de las bacterias firmicute más estudiadas: *Bacillus subtilis*.

Entre las funciones del genoma indispensables para las bacterias se encontraron las que son parte de las principales vías metabólicas (metabolismo del carbono, síntesis de aminoácidos, etc.) y otras que pertenecen a complejos proteicos importantes (tales como las polimerasas y la ATP sintasa); mientras que entre las específicas para vivir en el intestino se encuentran las relacionadas con la adhesión a las proteínas del huésped y a la degradación de azúcares complejos de la dieta del huésped o del revestimiento intestinal.

Los resultados de este estudio indican que los 124 individuos que participaron en el experimento, tienen entre mil y 1150 especies bacterianas y que cada individuo tiene al menos 160 especies

Los científicos que participan en el proyecto consideran que el catálogo ofrece una amplia visión de las funciones más importantes para la vida bacteriana al interior del tracto digestivo y muestra que diferentes individuos comparten entre sí varias especies de bacterias.

El estudio anterior se complementó con otro en el que se analizaron 22 metagenomas de personas de 4 países (franceses, daneses, italianos y españoles) y los combinaron con datos existentes de 13 japoneses y 4 americanos. Estas nuevas muestras confirman que los *Firmicutes* y *Bacteroidetes* predominan en la microbiota intestinal. Las muestras pudieron ser clasificadas en tres grupos diferentes que denominaron enterotipos que son identificables por la variación en los niveles de uno de tres géneros de bacterias: *Bacteroides* (enterotipo 1), *Prevotella* (enterotipo 2) y *Ruminococcus* (enterotipo 3). Estos enterotipos no correlacionan con nacionalidad, continente, género o índice de masa corporal.

Los enterotipos distinguen a los individuos, independientemente de su edad, sexo, origen o estado de salud, por lo que se considera que podrían servir para cla-

sificarlos de manera similar a los grupos sanguíneos.

### Enfermedad Intestinal Inflamatoria

El doctor Blottieré explicó sus estudios sobre la enfermedad de Crohn, que es una de las formas más comunes de enfermedad inflamatoria intestinal en países occidentales. Se sospecha que la microbiota intestinal tiene un papel en activar al sistema inmune de las mucosas, lo que produce inflamación. Aplicando la metagenómica se encontró una reducción en la diversidad de la microbiota intestinal de estos pacientes: una reducción muy pronunciada de los Firmicutes, y en particular del grupo *Clostridium leptum*. Analizaron por medio de FISH, la composición de la microbiota asociada a la mucosa ileocolónica en muestras quirúrgicas de pacientes con enfermedad de Crohn al tiempo de la cirugía y seis meses después, y encontraron que la reducción de un miembro muy importante de los Firmicutes, *Faecalibacterium prausnitzii*, se asocia con un alto riesgo de recurrencia de la enfermedad. Posteriormente los investigadores demostraron que *F. prausnitzii* tiene efectos antiinflamatorios tanto *in vitro* como *in vivo*. *In vitro* induce poca secreción de IL-12 e IFN- $\gamma$  y altos niveles de IL-10.

En un modelo animal de colitis aguda, los investigadores encontraron que la administración intragástrica de la bacteria viva o de un sobrenadante *F. prausnitzii* redujo la inflamación intestinal de los roedores, basados en criterios macroscópicos e histológicos, así como por la secreción de citoquinas en el colon con predominio de IL-10 en comparación con los ratones no tratados.

La composición de la microbiota fecal de los ratones con colitis mostró la disminución de *F. prausnitzii* la cual se recupera mediante el tratamiento con sobrenadante de esta bacteria. De esta manera, los científicos consideran que este tipo de estudios ofrecen nuevas posibilidades

para diseñar estrategias que permitan tratar a los pacientes con enfermedad de Crohn mediante la administración de *F. prausnitzii* para restaurar la microbiota intestinal.

Los investigadores consideran que las interacciones entre la microbiota y su hospedero pueden ser consideradas como una clave interesante en algunas patologías. Un ejemplo de ello es el papel de la disbiosis en la enfermedad de Crohn, pues, como demostró el grupo del doctor Blottieré, la microbiota de los pacientes con este padecimiento es diferente a la de los individuos sanos. ■

## Principales pasos en el Proyecto Meta HIT

- Para llegar a su objetivo central, los investigadores:
- Establecieron un extenso catálogo de referencia de los genes de los microbios presentes en el intestino humano.
- Desarrollaron las herramientas bioinformáticas necesarias para la organización y la interpretación de la información obtenida y para determinar cuáles genes del catálogo de referencia están presentes en diferentes individuos y con qué frecuencia.
- Formaron cohortes de individuos sanos y enfermos para determinar qué genes tenían.
- Desarrollaron métodos para el estudio de la función de los genes bacterianos asociados con la enfermedad para entender los mecanismos implícitos y las interacciones entre los microbios y el hospedero.

## Consideraciones sobre el convenio acerca del procedimiento acelerado de patentes (PPH), firmado entre la USPTO y el IMPI

M. en C. Ivonne Ochoa Laboratorios Silanes, S.A de C.V

Con la finalidad de mejorar los procedimientos para la obtención de patentes, el Instituto Mexicano de la Propiedad Industrial (IMPI) ha establecido junto con la Oficina de Patentes y Marcas de los Estados Unidos de América (USPTO) un programa piloto denominado Procedimiento acelerado de patentes/ Patent Prosecution Highway (PPH por sus siglas en inglés) y finaliza el 31 de Agosto del 2012. También se firmó el programa con la Oficina española de Patentes y Marcas (OEPM) con vigencia hasta el 1 de octubre de 2014 y con la Oficina Japonesa de Patentes (JPO) vigente hasta el 1 de julio de 2012. A partir del 1 de Septiembre se ha declarado que el PPH se establezca de manera permanente.

Con el PPH, se permite a los solicitantes agilizar el procedimiento de otorgamiento de patentes en ambas oficinas, evitando así duplicidad de esfuerzos y reduciendo entre otras cosas las cargas de trabajo. Este programa básicamente consiste en que para una solicitud presentada ante el IMPI (segunda oficina) teniendo una presentación previa ante la oficina firmante, en este caso ante la USPTO (primera oficina), reconocida como solicitud de prioridad, pueda solicitar al IMPI la concesión de su patente apegándose a la materia concedida o notificada como concedida en la USPTO. El PPH también aplica para aquellos casos en que tanto una solicitud sometida al IMPI relacionada con otra sometida a la USPTO sean ambas derivadas de la misma solicitud sometida ante el PCT (Tratado de Cooperación en materia de Patentes).

Se tienen las siguientes consideraciones: Aunque el programa piloto se ha firmado con USPTO la OEPM y la JPO, sólo se ha decidido la permanencia con respecto a casos relacionados con solicitudes ante la USPTO.

El criterio de la USPTO para otorgar patentes es diferente en algunos aspectos al del IMPI. Una diferencia se marca en el requerimiento de la USPTO de dividir a la invención reclamada en grupos, quedando las reivindicaciones\* agrupadas de acuerdo a su tipo, por lo que, se le pide al solicitante que se seleccione solo un tipo; el resultado es que no se patentan todas las modalidades de la invención, se hace de manera parcial y deja al solicitante con la opción de someter la materia aún no protegida (el resto de las reivindicaciones) en solicitudes divisionales; de manera que para las solicitudes ante el IMPI bajo el PPH, el solicitante está optando por proteger su invención de manera parcial en lugar de obtener una patente que proteja todas las modalidades de la invención tal y como lo permiten las leyes en México; para conseguir la protección del resto de reivindicaciones requerirá someter una solicitud divisional la cual raramente tendrá opción de ser examinada de manera acelerada.

El procedimiento del PPH no exime a los solicitantes de todas sus obligaciones en virtud de la Ley de la Propiedad Industrial y la legislación aplicable, esto implica por ejemplo, si en la USPTO existe alguna figura o forma jurídica de protección que en IMPI no esté contemplada o que se encuentre expresamente prohibida, habrá casos en que las solicitudes no podrán apegarse a la tramitación bajo el procedimiento PPH.

Por otro lado, en la práctica del IMPI, antes del PPH, ya se pedía al solicitante que se apegara a la patente otorgada en la USPTO, la única diferencia al adoptar el PPH es el hecho de aceptar que se apegue a las reivindicaciones que se acaban de notificar por parte de la USPTO como patentables, sin necesidad de esperar a la publicación de la patente concedida, este avance no

parece ser tan significativo para el solicitante si consideramos que el periodo entre la aceptación y la concesión (publicación) es relativamente corto.

Otro aspecto a considerar es que los solicitantes nacionales no suelen tener como prioridad a solicitudes extranjeras, por lo que esto le resta puntos al PPH como promotor importante para el fomento de patentes de investigadores mexicanos.

Finalmente, podemos concluir que es evidente la necesidad de que los usuarios que pretendan someter solicitudes de patente estén bien informados para el manejo de su caso en particular y para que evalúen si les conviene basar el examen de su solicitud en los requerimientos y condiciones que marca el PPH.

También se vislumbra más beneficioso que el PPH se vuelva permanente con otras oficinas, por lo pronto con la JPO y OEPM.

[\*]El formato de una solicitud de patente fundamentalmente se basa en una lista estándar de puntos, entre los que contiene una descripción y un juego de reivindicaciones. La descripción detalla la invención, enseña cómo realizarla y utilizarla, mientras que en las reivindicaciones se define el alcance de su protección jurídica. Por ejemplo, las reivindicaciones demarcan en palabras los límites de la invención. Mucho de lo que se muestra y describe en una patente puede no estar protegido por la patente, puesto que sólo la tecnología incluida en las reivindicaciones está protegida.

#### Referencias:

[http://www.impi.gob.mx/wb/IMPI/proyecto\\_piloto\\_sobre\\_el\\_procedimiento\\_acelerado](http://www.impi.gob.mx/wb/IMPI/proyecto_piloto_sobre_el_procedimiento_acelerado)  
[http://www.impi.gob.mx/work/sites/IMPI/resources/LocalContent/3693/5/IMPI\\_013\\_2012.pdf](http://www.impi.gob.mx/work/sites/IMPI/resources/LocalContent/3693/5/IMPI_013_2012.pdf)  
[http://www.uspto.gov/patents/init\\_events/pph/pphbrochure.pdf](http://www.uspto.gov/patents/init_events/pph/pphbrochure.pdf)

# IN MEMORIAM

## Guillermo Mendoza Hernández

Blanca Ruíz y Edgar Zenteno

Guillermo Mendoza, nació en la Ciudad de México el 28 de febrero de 1955. Llevó a cabo sus estudios de primaria en la Escuela Federal Estado de Puebla, de secundaria en la Escuela Secundaria diurna No. 40, Melchor Ocampo, posteriormente estudió en la Escuela Preparatoria Francisco Treviño. Cursó la Carrera de Médico Cirujano en la Facultad de Medicina de la UNAM de 1973 a 1979. Posteriormente realizó la Maestría y el Doctorado en Ciencias Biomédicas en el área de Biología Molecular, en los que desarrolló las tesis “17 $\beta$  estradiol deshidrogenasa de placenta humana: Purificación y propiedades” y “Aspectos cinéticos y estructurales de dos 17 $\beta$  hidroxisteroide deshidrogenasas de origen animal”, respectivamente, en ambas obtuvo Mención Honorífica y contó con la asesoría del doctor Juan C. Díaz Zagoya. Por su destacado desempeño en el Doctorado obtuvo la medalla Gabino Barreda.

El doctor Mendoza fue Profesor Titular “C”, y miembro del SNI Nivel 2. En 1999 recibió mención honorífica en el premio CANIFARMA y fue distinguido con el nivel D del PRIDE en 2008. Guillermo Mendoza fue designado Coordinador de Investigación del Departamento de Bioquímica por el doctor Díaz Zagoya en 1982, nombramiento que conservó por sus méritos hasta el momento de su fallecimiento.

También participó activamente en la docencia, ejemplo de ello fue el curso para aspirantes de la carrera de Médico Cirujano en 1980 así como los cursos pre-médicos entre 1984-1986 y en 1999. Impartió en diversas ocasiones asesorías de Bioquímica entre 1980-1988.

En cuanto a formación de recursos humanos, graduó a diversos alumnos de las licenciaturas de Biología y Química Farmacéutica Biológica, en las Maestrías de Ciencias Biomédicas y en Ciencias Bioquímicas, así como en el doctorado en Ciencias Biomédicas.

Su carrera científica la inició en 1979-1980, como colaborador voluntario en la Unidad de Investigación del Centro Materno-infantil Maximino Ávila Camacho.

En 1988 el doctor Mendoza recibió un apoyo económico importante del CONACyT para sus estudios en la caracterización de las reacciones enzimáticas involucradas en el metabolismo de hormonas esteroideas en la glándula pancreática, el cual le permitió consolidar su trayectoria como investigador independiente en la Facultad de Medicina.

Las líneas de investigación del doctor Mendoza se relacionaron con la química y estructura de proteínas, así como con el estudio del proteoma en diferentes modelos por espectrometría de masas y/o secuencia amino-terminal. El objetivo central de su proyecto para caracterizar cinética y estructuralmente diversas proteínas oligoméricas, era obtener información relevante sobre la estabilidad, estados de transición conformacional, intermediarios y mecanismo de plegamiento de proteínas oligoméricas.

Guillermo Mendoza publicó su primer trabajo internacional en 1984<sup>1</sup> y hasta el recientemente publicado<sup>2</sup> hacen un total de 87 artículos y 687 citas. Quedan decenas de trabajos en prensa, producto de la colaboración con investigadores de diversas instituciones dentro y fuera de la UNAM, ya que había logrado notoriedad incluso con diversas empresas internacionales quienes le solicitaban la certificación de sofisticados equipos.

Guillermo pertenecía a la Sociedad Mexicana de Bioquímica como socio numerario desde 1986. Nunca cesó su actividad docente y de investigación; la puerta de su laboratorio siempre estaba abierta para el apoyo profesional.

Su muerte fue un suceso inesperado, muy triste, que ocurrió cuando Guillermo se encontraba en la cúspide de productividad; su vida es un ejemplo para los jóvenes que empiezan su carrera en la investigación biomédica. Deja un gran vacío en el quehacer científico, en los diferentes grupos de investigación con los que colaboró, concretamente en el Instituto de Investigaciones Biomédicas con los doctores Alfonso González-Noriega, Sergio Sánchez, Luis Servín, Eduardo García Zepeda, Clara Espitia, Gloria Soldevila y Blanca Haydé Ruiz Ordaz. Nuestro agradecimiento y sincero reconocimiento a un científico ético e íntegro así como un gran ser humano.



<sup>1</sup>Mendoza-Hernández G, Calcagno M, Sánchez-Nuncio HR, Díaz-Zagoya JC. 1984. Dehydroepiandrosterone is a substrate for estradiol 17 beta dehydrogenase from human placenta. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 119 83-87.

<sup>2</sup>Fonseca-Sánchez MA, Cuevas SR, Mendoza-Hernández G, Bautista-Piña, V, Ocampo EA, Miranda AH, Jurado VQ, Marchat LA, Álvarez-Sánchez E, Plasencia, CP, López-Camarillo C. 2012. Breast cancer proteomics reveals a positive correlation between glyoxalase 1 expression and high tumor grade. *International Journal of Oncology* 41 (0) 670-680).

## Lo que usted debe saber de **Dropbox**

No cabe duda que el servicio de almacenamiento y sincronización *Dropbox* que funciona sobre internet ha innovado la forma de compartir archivos; esta nueva alternativa viene a resolver los inconvenientes que se tenían anteriormente al usar el correo electrónico o los dispositivos de almacenamiento extraíble.

Una de las grandes ventajas de *Dropbox* es que desde el inicio, sus creadores incorporaron funciones de seguridad haciendo de este un sistema de almacenamiento seguro en internet para evitar aplicarle múltiples actualizaciones de seguridad para la protección de la información.

Otra característica que ha impactado a los usuarios es la sencillez con la que trabaja *Dropbox*, sólo se incorporan las carpetas y su contenido se sincroniza en el espacio de almacenamiento de internet, además permite intercambiar documentos fácilmente y en la versión gratuita se ofrecen 2Gb de almacenamiento, espacio "suficiente" para compartir archivos importantes.

*Dropbox* apareció en el momento indicado y lo que le ha dado una mayor aceptación en todo el mundo, es que se puede instalar en cualquier sistema operativo; permite guardar, compartir y sincronizar los archivos desde cualquier lugar y es compatible con los dispositivos móviles que se encuentran actualmente en el mercado.

En términos de seguridad *Dropbox* al ser un servicio de almacenamiento en la nube, la protección de la integridad, la confidencialidad de los archivos y la base de datos de los usuarios y sus contraseñas, recae en los administradores del servicio de *Dropbox*. El usuario por su parte, debe cambiar frecuentemente su contraseña para evitar alguna intrusión a su espacio y desencadenar otros problemas de seguridad como puede ser el compartir algún código malicioso.

Recientemente *Dropbox* confirmó que sufrió un incidente de seguridad en el que un hacker tuvo acceso a una cuenta de un empleado y consiguió datos personales de usuarios del servicio. Ante este suceso, *Dropbox* anunció que realizará las siguientes mejoras significativas para fortalecer la seguridad de la información:

- Inicio de sesión con confirmación. Una vez que se ha introducido la contraseña se preguntará un código secreto que será enviado al correo electrónico o algún dispositivo móvil.
- Mecanismos automatizados. Se pondrán en marcha este tipo de mecanismos con el fin de ayudar a detectar actividades sospechosas.
- Una sección en la que se verán todas las conexiones activas que permitirá identificar al usuario las ubicaciones desde las cuales se está conectando al servicio.
- Solicitarle al usuario hacer un uso responsable del servicio y sobre todo que su contraseña sea diseñada considerando letras mayúsculas, minúsculas, algún carácter especial y que esta sea mayor a 8 caracteres.

Para finalizar, es importante mencionar que en caso de estar recibiendo correos fraudulentos por parte de *Dropbox*, deberá cambiar a la brevedad posible la contraseña ya que de no hacerlo podría propagarse código malicioso a través de la nube. 

