

cánceres en la población santandereana, para poder usar esta información como una herramienta en el pronóstico de la enfermedad y en el tratamiento del paciente. Para realizar el trabajo, se extraerá el ADN del tejido tumoral de las biopsias del tumor usadas para el análisis patológico y como muestra control se usará una muestra de sangre del paciente y/o tejido normal adyacente al tumor en la biopsia. Se tomarán muestras de 50 pacientes con cáncer gástrico o de colon que acudan a la Unidad de Oncología del HURGV y otros centros de salud de Santander. Los marcadores microsatélite que se tipificarán serán: marcadores mononucleotídicos (BAT-26 y BAT-40) y marcadores dinucleotídicos (D2S123, D9S153, D8S261, D12S104). La amplificación se hará mediante una PCR usando primers específicos marcados con fluorocromos. La detección de los amplificados se hará por electroforesis capilar en el analizador genético ABI-PRISM 310. Para cada marcador se establecerán los alelos presentes en el tejido normal, los cuales se confrontarán con los del tumor del mismo paciente; la aparición de alelos extras en un marcador en el tejido tumoral, se definirá como inestabilidad para ese microsatélite. Para determinar el fenotipo de inestabilidad de microsatélites (MSI) se tendrá en cuenta la presencia de inestabilidad en BAT-26 y/o en BAT-40 y/o en al menos dos de los marcadores dinucleotídicos.

DETECCIÓN DEL DNA DE PAPILOMAVIRUS HUMANO EN LESIONES PRECANCEROSAS Y CANCEROSAS DE CUELLO UTERINO POR REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA EN BUACARAMANGA, SANTANDER

RANGEL, M. J.¹, VARGAS, C. I.², CASTILLO, A.³

¹ Estudiante de Pregrado en Biología. Facultad de Ciencias.

Universidad Industrial de Santander. jrangel@virtual.umb.edu.co

² Profesora asociada de la Escuela de Medicina, Facultad de Salud.

Universidad Industrial de Santander. ³ Profesora Asistente de la Escuela de Medicina. Facultad de Salud. Universidad Industrial de Santander.

Estudios epidemiológicos demuestran convincentemente que el factor de mayor riesgo para el desarrollo del cáncer cervical, es la infección del virus del papiloma humano (VPH), el cual sobrepasa otros factores de riesgo. En nuestro departamento, el cáncer que presenta mayor incidencia en la población femenina es el de cérvix, por lo tanto, la detección de los diferentes tipos de VPH que infectan el tracto reproductor femenino es importante para la prevención y el control de esta malignidad.

El objetivo de esta investigación es conocer la incidencia del virus tanto de bajo riesgo con los tipos 6 y 11 como los de alto riesgo con los tipos 16, 18, 31, 33 y 35, por reacción en cadena la polimerasa (PCR). Los resultados obtenidos en la investigación se compararán con los hallados en la citología vaginal para establecer la especificidad y sensibilidad de cada uno de los métodos para la detección del virus.

Se tomarán 100 muestras de raspado cervical de pacientes diagnosticadas con lesiones intraepiteliales escamosas y cáncer cervical, además, se tomarán muestras de 30 mujeres con citología normal como grupo control. Las pacientes serán del Hospital Universitario Ramón González Valencia, Finsema y de la Liga Santandereana contra el cáncer. Se realizará inicialmente una PCR de Beta Globina para establecer la calidad del DNA. Después se hará la PCR para la detección de los tipos de VPH según el protocolo propuesto por Pzighella 1995. El producto amplificado se observará en geles de agarosa a 2.5%. Los tipos de VPH de alto riesgo se identi-

ficarán por la presencia de una banda de 420pb y los de bajo riesgo con una banda de 670pb. En el momento la investigación se encuentra en la fase de desarrollo, con previa estandarización de la PCR para Beta Globina y VPH; obteniéndose los primeros resultados del estudio.

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE RESTOS ANTIGUOS DE POBLACIONES INDÍGENAS DE COLOMBIA, MEDIANTE DIEZ LOCI CON REPETICIONES CORTAS EN TANDEM (STR'S)

ALAPE, J.¹, BUSTOS, I.², RESTREPO, C. M.³

¹ Biólogo. Departamento de Biología. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional de Colombia. jalapebiol@tutopia.com

² Profesora Unidad de Paternidad, Instituto de Genética.

Universidad Nacional de Colombia, UPIGUN. ³ Profesor Unidad de Genética. Instituto de Ciencias Básicas. Facultad de Medicina. Universidad del Rosario.

En nuestros días interactúan lo ancestral y lo moderno, la eliminación y la conservación, lo antropológico y lo molecular, la acumulación de paradigmas o la postulación de hipótesis y el quehacer científico; estamos en un momento de grandes y aceleradas transformaciones y búsquedas de lo cultural, lo genético y por qué no decirlo, lo social y económico. Todo ello incide significativamente en el medio natural y encontramos que al plantearse una diversidad genética, aparece cierto tipo de preguntas encaminadas a dilucidar los procesos y transformaciones evolutivas que han dado origen y distribución a las diferentes especies remanentes hoy sobre la tierra. Para dar respuesta a todo esto, es necesario implementar metodologías como los estudios de genética molecular con individuos vivos o recurriendo a los restos óseos o de tejidos que aún se conservan.

El presente estudio está dedicado al análisis de restos óseos antiguos de poblaciones precolombinas que se conservan en cementerios indígenas en el Municipio de Bolívar, en Santander y en el museo del Instituto Colombiano de Antropología (ICAN); estos restos son poco conocidos y de ellos se dispone solo de algunos datos acerca de su procedencia geográfica, de la posible comunidad o población a la que pertenecieron y, en muy pocos casos se tiene su datación. Sin embargo, es sabido que este conocimiento tiene limitaciones y el uso de herramientas de genética molecular como es la amplificación y tipificación de secuencias cortas de DNA que se repiten en tandem (STRs) como los utilizados en el presente trabajo, permiten dilucidar posibles divergencias o convergencias reales entre poblaciones antiguas y entre éstas con poblaciones indígenas remanentes de hoy, información que se constituye en una valiosa fuente de conocimiento sobre parte de nuestras raíces ancestrales. Uno de los retos del trabajo, consistió en lograr obtener una cantidad de DNA de las muestras óseas ya que el DNA esta altamente degradado, además de su posterior amplificación por la reacción en cadena de la polimerasa, estas etapas fueron muy dispendiosas y se sometieron a los correspondientes controles de extracción y amplificación para verificar la autenticidad del DNA de las muestras y que este no fuera el producto de contaminación con DNA moderno durante los procesos anteriormente mencionados. Debido a la alta degradación del DNA en las muestras utilizadas, se obtuvieron resultados de las frecuencias alélicas para los sistemas genéticos de bajo peso molecular vWA, TPOX y THO1, de los diez utilizados. Con el presente trabajo, se obtuvieron los primeros resultados de frecuencias alélicas en una población antigua de Santander, además es la base para iniciar una línea de investigación en arqueología y antropología molecular en nuestro país.