

**EVALUACIÓN DEL DAÑO Y LA REPARACIÓN DE LESIONES
EN EL ADN INDUCIDAS POR ETOPOSIDO EN CÉLULAS DE FIBROSARCOMA
MEDIANTE EL ENSAYO DEL COMETA**

ARROYO, J. C., SICARD, D., GROOT, H.

Laboratorio de Genética Humana, Universidad de los Andes, Bogotá,
Colombia. jucearta@hotmail.com

El estudio de las sustancias genotóxicas cada día toma un papel más importante en la vida diaria. Numerosas sustancias genotóxicas pueden producir mutaciones en el genoma, que pueden generar procesos neoplásicos que conllevan a la formación de cáncer. En este trabajo se presenta la estandarización de un micro-método para la realización de ensayos genotóxicos en cultivos celulares, utilizando células de fibrosarcoma (HT1080) cultivadas en cajas de cultivo microelisa. En el proceso de estandarización, Inicialmente se realizaron recuentos para encontrar un número de células apropiado para los ensayos. Posteriormente las células fueron expuestas a diferentes concentraciones de la droga antineoplásica etopósido para evaluar la citotoxicidad de esta sustancia sobre las células. Por último se evaluó mediante el ensayo del cometa, el daño en el ADN de células HT1080 expuestas a etopósido en una concentración de 50mg/ml. y la reparación de dichos daños en intervalos de tiempo de 1hora, 2 horas, 4 horas, 6 horas y 8horas. Como control negativo se utilizaron células HT 1080 no expuestas a la droga antineoplásica. En los recuentos celulares se obtuvo un promedio de 185.000 células por pozo en la caja microelisa, contenidas en 100 ml de medio de cultivo. La prueba de citotoxicidad demostró que a una concentración de 50mg/ml de la droga, las células presentan un daño apreciable con un nivel de mortandad menor de 20% de células. En el ensayo del cometa, después de exponer las células a la droga, se observó un daño en el ADN significativamente mayor al compararlo con el control. La reparación del ADN se observó por el decrecimiento en la migración de ADN en los tiempos sucesivos a la exposición. Con este ensayo se pudo comprobar la eficacia del método estandarizado y la capacidad de las células HT1080 para reparar daños producidos por los agentes genotóxicos como el etopósido.

**CARACTERIZACIÓN CLÍNICO GENÉTICA DE LOS RECIÉN NACIDOS
CON ANOMALÍAS CRANEOFACIALES. INFORME PRELIMINAR DE HENDIDURAS
FACIALES. EXPERIENCIA EN EL INSTITUTO MATERNO INFANTIL**

CIFUENTES, Y., ARTEAGA, C., INFANTE, C., CLAVIJO, E.

Para determinar y caracterizar la población con anomalías craneofaciales de los neonatos del Instituto Materno Infantil se recolectaron los datos de los pacientes durante el período comprendido entre marzo de 2000 y agosto de 2001. Se analizaron separadamente las hendiduras faciales, clasificadas en dos grupos, hendiduras aisladas únicas o con otras anomalías no relacionadas y anomalías congénitas múltiples. Se analizaron bajo los siguientes parámetros: nacidos o remitidos al IMI, estrato, procedencia, factores de riesgo obstétrico general y específico, sexo, edad gestacional, correlación de peso y edad gestacional, diagnósticos, patología neonatal, cariotipo y condición al egreso. De un total de 52 pacientes, 67% (35) presentaron hendiduras faciales, de éstos, 57% (20) tenían anomalías múltiples, el resto, 15 casos tenían anomalía aislada y 80% de ellos la presentaban como alteración única. Del total de pacientes

con hendidura 40% fallecieron y de estos 71% la causa estaba relacionada con la presencia de anomalía congénita. Las hendiduras faciales representan un componente frecuente de las anomalías craneofaciales y son un grupo etiológicamente heterogéneo que originan importante mortalidad neonatal. Por esta razón para su manejo y determinación del pronóstico debe tenerse en cuenta su caracterización etiológica.

***Psorophora columbiae*: ESTRUCTURA GENÉTICA ANALIZADA MEDIANTE PERFILES ISOENZIMÁTICOS Y SECUENCIAS SSCP E INEXISTENCIA DE OTRAS ESPECIES**

BELLO, F.^{1,2}, RUIZ-GARCÍA, M.²

¹Departamento de Biología, Universidad de la Salle, Bogotá, Colombia. ²Genética de Poblaciones-Biología Evolutiva, Departamento de Biología. Facultad de Ciencias. Pontificia Universidad Javeriana. mruiz@javeriana.edu.co

El análisis de tres poblaciones de mosquitos del género *Psorophora* fueron analizadas para los loci isoenzimáticos MDH, PGM, IDH, LAP, a-GDH, ME, HK, PGI, MPI, 6PGD y AAT y para las secuencias obtenidas con los cebadores CP-P1A/CP-P1B con la técnica SSCP. Dos de las poblaciones analizadas corresponden a áreas de la distribución central de la especie en Colombia (Tolima y Meta), mientras que la otra población se halla enclavada en el norte de Colombia, concretamente en el Departamento de Córdoba. Originalmente esas poblaciones se clasificaron como pertenecientes a *Psorophora confinns*. Sin embargo, algunos autores, posteriormente, especularon con la posibilidad de que en Colombia existieran especies crípticas de este género y que en la zona central del país realmente la especie que existiera fuera *P. columbiae* y en la costa norte del país fuera *P. toltecum*. Estas dos especies se encuentran formando parches discontinuos en diferentes áreas de Estados Unidos y de Centroamérica. En el presente estudio determinamos los estadísticos F jerarquizados de Wright y observamos que el nivel de heterogeneidad genética ($F_{ST}=0.067$) aunque significativo es relativamente pequeño. Igualmente, las distancia genética de Nei, al igual que otras mostró una valor muy pequeño de las mismas, lo cual sugiere que no existen diferencias específicas entre las poblaciones del centro del país con las de la costa Norte de Colombia. La capacidad discriminativa de cada locus dependió del mismo y de la distancia empleada, ya fuera correlación o Euclídea. Un análisis de escalas multidimensionales no lineal mostró que los alelos que tuvieron un comportamiento más distante de los restantes alelos estudiados fueron LAP-B, ME-C, MDH-C, ICDH-A, a-GDH y PGI-A. El test de Lewontin-Krakauer no detectó selección diferencial para el conjunto de loci estudiados. Ciertos marcadores mostraron autocorrelación espacial significativa, aún cuando globalmente el test de Slatkin (1993) rechazó el aislamiento por distancia global. Un análisis de regresión múltiple mostró que la heterocigocidad está fuertemente relacionada de forma positiva con la altura (47.41%-69.27%), con la temperatura (75.51-76.39%) e inversamente con la densidad de la población humana (95.96-98.70%). El análisis SSCP, reveló que la población del norte de Colombia se asemejaba profundamente a las poblaciones de *P. columbiae* en Estados Unidos. Por lo tanto se descarta que esas poblaciones pertenezcan a *P. toltecum*.