

como la uniformidad o equitatividad con que los individuos están distribuidos entre las especies, es comparable con la de los igarapés de la región de Leticia (Amazonas, Colombia), aunque su riqueza en especies sea considerablemente menor. Sin embargo, si esta quebrada fuera muestreada durante un ciclo anual es muy probable que se obtengan valores de riqueza de más de 100 especies. Entre diferentes sectores de la quebrada (parte alta, media y baja) se encontraron diferencias en la composición que dan lugar a una similitud no mayor del 60%, encontrándose más relacionadas entre sí las partes alta y media del curso. Al igual que las quebradas de aguas negras de los alrededores de Leticia, la ictiofauna dominante en la quebrada Bacabilla es de tamaños reducidos, donde especies con tallas superiores a los 20 cm de longitud son muy raras. La composición de las comunidades de peces de igarapés entre el PNNA y la región de Leticia varía considerablemente encontrándose en este primer estudio 15 especies de peces en Amacayacu que no están registradas para la región de Leticia en ambientes hidrológicamente equivalentes.

**Palabras clave:** ictiofauna, Amazonas.

### **DETECCIÓN DEL ESTADO DE METILACIÓN DE LOS GENES *dapk*, *cdh13*, *cdh1* Y *rassf1* EN ADN DE PLASMA DE PACIENTES CON CÁNCER DE CUELLO UTERINO**

JULIÁN ANDRÉS PULECIO<sup>1</sup>, FABIO ARISTIZÁBAL<sup>2</sup>, HERNÁN VARGAS<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Biología, Facultad de Ciencias

<sup>2</sup>Departamento de Farmacia, Facultad de Ciencias  
Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá.

#### **RESUMEN**

El estudio de las características epigenéticas en ADN proveniente de plasma de pacientes con cáncer de cuello uterino (CCU) tiene un futuro promisorio; se han encontrado previamente genes supresores de tumor (GST) metilados, correlacionados con estadios avanzados del CCU, siendo posibles indicadores de peor pronóstico y marcadores moleculares de respuesta a tratamiento. Sin embargo, no existe ningún estudio para Colombia, en el que se haya buscado detectar estados de metilación para ADN de plasma en ningún tipo de cáncer. En este trabajo se reporta el estudio de 23 pacientes colombianas con estadios avanzados (III y IV) de CCU (Banco de Muestras del Instituto Nacional de Cancerología), a los cuales les fue detectado el estado de mutación (conversión por bisulfito de sodio posterior MSP) de los GST *dapk*, *cdh13*, *cdh1* y *rassf1*, en ADN de plasma, y se comparó contra el estado de metilación en ADN de plasma, arrojando los siguientes porcentajes de pacientes que presentaron el mismo estado de metilación (presente/ausente) *rassf1*, 44%; *cdh13*, 33%; *cdh1*, 44%; *dapk*, 78%; para un total de los cuatro genes en conjunto de 47%. Adicionalmente, se detectó la presencia en el 100% de las muestras de tumor de HPV tipo 16. Se demostró igualdad entre las poblaciones de tumor y plasma para el panel de los cuatro genes ( $p=0,635$ , Test de McNemar  $\alpha=0,05$ ), en particular para el estadio III ( $p=0,85$ ). El gen *dapk* presentó un estado de metilación positivo para plasma del 68,4% y para tumor del 94% en estadios avanzados. De esta manera, se consiguió la detección de los estados de metilación en ADN de plasma y se encontró correlación estadística con los encontrados en ADN tumoral, en particular para el estadio III. Este trabajo constituye un aporte importante para el uso de características epigenéticas de ADN de plasma, como marcadores moleculares de progresión, respuesta a tratamiento, y supervivencia, en pacientes colombianas con CCU.

**Palabras clave:** cáncer, cuello uterino, ADN, plasma, marcador molecular.