LIBRO DE RESÚMENES

HAMUTAY
Young Peruvian Scientists Network for Bioscience Research

II JORNADA CIENTÍFICA INTERNACIONAL EN BIOCIENCIAS

11 - 13 de enero del 2017

En colaboración con:

Consulado General del Peru en São Paulo

Centro de Convenciones Internacionales INICTEL – UNI
Lima - Perú

HAMUTAY

Young Peruvian Scientists Network for Bioscience Research

II JORNADA CIENTÍFICA INTERNACIONAL EN BIOCIENCIAS

11- 13 de enero del 2017

Centro de Convenciones Internacionales INICTEL - UNI

Lima - Perú

ÍNDICE GENERAL

Presentación 3

Comité organizador 4

Programa general 5

Resúmenes de Conferencias 7

Presentación de Pósteres 24

Mini-cursos pre-jornada 50

- Diseño y operación de biorreactores 51
- Introducción a la oncología molecular 52
- Introducción a la bioinformática: en la era de las ómicas 53
- Principios de ingeniería genética y aspectos biotecnológicos 54
- Herramientas *in silico*: un abordaje en moléculas bioactivas 55

PRESENTACIÓN

Queridos colegas,

El Grupo Hamutay – Young Peruvian Scientists Network for Bioscience Research y el Consulado General de Perú en São Paulo se encuentra complacido de darles la bienvenida a la "II Jornada Científica Internacional en Biociencias", desarrollada en la ciudad de Lima del 11 al 13 de enero del 2017. En esta SEGUNDA edición tuvimos el honor de presentar conferencistas peruanos procedentes de diversas instituciones a nivel mundial en los campos de Neurociencia, Biotecnología, Nanotecnología, Bioinformática, Inmunología, Biología Molecular y Genética; quienes tuvieron la amabilidad de aceptar nuestra invitación para compartir sus trabajos más recientes y experiencia adquirida en sus respectivas áreas.

De esta forma, la comisión organizadora tiene el grato placer de presentarles el Libro de Resúmenes del evento, que condensa gran parte de la producción científica de profesionales peruanos dentro y fuera del país. Cabe resaltar que, en este evento tuvimos la grata participación de investigadores provenientes de prestigiosas universidades de Estados Unidos, Reino Unido, Alemania y Brasil.

El formato de la II Jornada Científica incluyó siete ponencias magistrales a cargo de reconocidos docentes e investigadores del medio local, 16 conferencias internacionales a cargo de estudiantes de posgrado que realizan sus investigaciones en el extranjero, tres grupos nacionales de difusión científica y finalmente el CONCYTEC, institución rectora del Sistema Nacional de Ciencia y Tecnología e Innovación Tecnológica del Perú.

Además, esta II Jornada Científica contó con sesiones de presentación de trabajos científicos en forma de poster. Completando el programa científico, fueron presentados los minicursos que tuvieron lugar días previos al inicio de la Jornada Científica y contaron con la participación de panelistas nacionales e internacionales.

Consideramos que los resultados de las investigaciones presentadas al evento son una contribución al campo de las Biociencias. Así, el Grupo Hamutay, junto con nuestros colaboradores, se compromete a seguir impulsando el nivel de la ciencia en nuestro país.

La Comisión Organizadora

COMISIÓN ORGANIZADORA

Dr. Ricardo Pariona Llanos
Cónsul General, Jorge Arturo Jarama Alván

Comité Científico

Área de Neurociencias
Mg. Fernando Slavador Carrillo
Mg. Victor Daniel Vasquez Matsuda

Área de Nanotecnología
Mg. Johana Karina Vaenzuela Oses
Bach. Mirla Anali Bazán Henostroza
Bach. Lourdes Marcela Yataco Lazaro

Área de Bioinformática
Mg. Jesús Antonio Alvarado Huayhuaz
Bach. Ruy Diego Chacón Villanueva
Bach. Sair Máximo Chavez Pacheco

Área de Inmunología
Dra. Priscilia Aguilar
Mg. Maryanne Melanie Gonzales Carazas
Bach. Melissa Mercedes Torres Chipana
Lic. Nadia Emely Chauca Torres
Mg. Henry Alonso Paico Montero

Área de Biotecnología
Dr. Ricardo Pariona Llanos
Bach. Milagros Liseth Castillo Rivera

Área de Biología Molecular
Mg. Karla Alejandra Vizcarra Zevallos
Bach. Antony Brayan Campos Salazar

Comité pósteres
Mg. Johanna Karina Valenzuela Oses
Lic. Nadia Emely Chauca Torres

Comité Económico
Bach. Yuly Yohana Serna Torres

Comité publicidad
Mg. Victor Daniel Vasquez Matsuda
Mg. Maryanne Melanie Gonzales Carazas
Bach. Milagros Liseth Castillo Rivera
Mg. Jhosep Victorino Beltrán Ramirez

Comité Sponsors
Dra. Priscilia Aguilar Ramírez
Bach. Melissa Mercedes Torres Chipana
Bach. Nadia Emely Chauca Torres
Bach. Lourdes Marcela Yataco Lazaro
Bach. Yuly Yohana Serna Torres

Comité de website
Mg. Grover Enrique Castro Guzman

Comité Logística
Mg. Jesús Antonio Alvarado Huayhuaz
Mg. Victor Daniel Vasquez Matsuda
Mg. Fernando Slavador Carrillo
Mg. Grover Enrique Castro Guzman
Mg. Karla Alejandra Vizcarra Zevallos

PROGRAMA GENERAL

II Jornada Científica Internacional en Biociencias
11 - 13 de enero de 2017
Centro de Convenciones Internacionales INICTEL – UNI (Lima-Perú)

Miércoles 11 de enero de 2016

8:30 – 9:30	*Registro de participantes y entrega de material*
9:30 – 10:00	Inauguración. Palabras de Dr. Ricardo Pariona Llanos Presidente de HAMUTAY
10:00 – 10:30	Prof. Dr. Ramses Salas Ascencios Universidad Federico Villareal – Perú
10:30 – 11:00	Lic. Fatima Saldanha Morales Baylor College of Medicine – Estados Unidos
11:00 – 11:50	*Sesión de pósteres / Intervalo*
11:50 – 12:20	Mg. Daniel Zegarra Ruiz Universidad de Yale – Estados Unidos
12:20 – 12:50	Prof. Mg. Carla Gallo Lopez Aliaga Universidad Peruana Cayetano Heredia – Perú
12:50 – 13:00	Ekpapelek Empoderamiento latino: Desarrollo profesional en tus manos
13:00 – 14:30	*Almuerzo*
14:30 – 15:00	Lic. Roberto Lozano Gonzales Cornell University – Estados Unidos
15:00 – 15:30	Prof. MD. Juan M. Rodríguez-Tafur Dávila Universidad Nacional Mayor de San Marcos – Perú
15:30 – 16:00	Mg. Yagahira Castro Sesquen Universidad de Johns Hopkins – Estados Unidos

Jueves 12 de enero de 2017

8:30 – 9:30	*Registro de participantes y entrega de material*
9:30 – 10:00	Mg. Pedro Romero Condori Universidad Goethe – Alemania
10:00 – 10:30	Mg. Jessica Santivanez Perez Universidad de Cambridge - Reino Unido
10:30 – 11:50	*Sesión de pósteres / Intervalo*
11:50 – 12:20	Mg. Johanna Valenzuela Oses Universidade de São Paulo – Brasil
12:20 – 12:50	Mg. David Requena Anicama Universidad de Rockefeller – Estados Unidos
12:50 – 13:00	YachaqWarmi Comunidad de mujeres peruanas en ciencias

13:00 – 14:00	*Almuerzo*
14:00 – 14:30	Dr. Victor Samillan Soto Universidad de Glasgow – Reino Unido
14:30 – 15:00	Mg. Katherine Taboada Rosell Instituto de Educación e Investigación de la Sociedad Beneficiente Israelita Brasilera Albert Einstein – Brasil
15:00 – 15:30	Mg. María Eguiluz Moya Universidad Federal de Rio Grande del Sur – Brasil
15:30 – 16:00	Masato Plataforma de divulgación científica

Viernes 13 de enero de 2017

8:30 – 9:30	*Registro de participantes y entrega de material*
9:30 – 10:00	Mg. Victor Borda Pua Universidad Federal de Minas Gerais – Brasil
10:00 – 10:30	Mg. Diana Rojas Málaga Universidad Federal de Rio Grande del Sur – Brasil
10:30 – 11:00	Mg. Andressa Tejeda Sebastiani Instituto de Educación e Investigación de la Sociedad Beneficiente Israelita Brasilera Albert Einstein – Brasil
11:00 – 11:50	*Sesión de pósteres / Intervalo*
11:50 – 12:20	Dr. Ricardo Pariona Llanos Universidade de São Paulo – Brasil
12:20 – 12:50	Dr. Carlos Arbizu Plant Breeding and Plant Genetics Program, University of Wisconsin-Madison, USA
12:50 – 13:00	CONCYTEC Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación tecnológica
13:00 – 14:00	*Almuerzo*
14:00 – 14:30	Profa. Dra. Claudia Machicado Universidad Peruana Cayetano Heredia – Perú
14:30 – 15:00	Profa. Dra. Ana María Osorio Universidad Nacional Mayor de San Marcos – Perú
15:00 – 15:30	Mg. Jesús Alavarado Huayhuaz Universidad de São Paulo – Brasil
15:30 – 16:00	Prof. Dr. Mirko Zimmic Peralta Universidad Peruana Cayetano Heredia – Perú
16:00 – 16:30	*Ceremonia de clausura.* *Premiación a los primeros puestos de presentación de posterés.*

CONFERENCIAS

NEUROCIENCIA: QUE SABEMOS DE LA EPILEPSIA

NEUROSCIENCE: WHAT WE KNOW ABOUT EPILEPSY

Mg. Andressa Del Carmen Tejeda Sebastiani
Hospital Israelita Albert Einstein, São Paulo, Brazil

Resumen

Dentro de todos los estudios que hace la neurociencia uno de ellos se enfoca en el estudio de enfermedades que afectan al Sistema Nervioso Central (SNC) y cómo podemos desenvolver nuevos medicamentos para solucionar problemas relacionados a fármacos ya existentes o en todo caso como podemos darle una vida mejor a las personas que sufren enfermedades como Epilepsia, AVC, Alzhaimer, Parkinson entre varias otras enfermedades que pueden afectar directa o inderectamente el SNC.

Sabemos que existen varios mecanismos que están envueltos en el desarrollo la epilepsia, como el aumento de neurotransmisores gultamatérigicos, la disminución de neurotransmisores GABAérgicos y un bloqueo en los canales de calcio, siendo que los fármacos que se encuentran en el mercado están relacionados a actuar contra estos tres mecanismos principales[1], pero aún no se tienen todas las respuestas es asi que muchos estudios revelan el Sistema Endocanabinoide podría estar directamente relacionado al control de las crisis epilépticas[2,3]. Son utilizados distintos modelos de inducción de la epilepsia *in vivo*, siendo que el más utilizado es el modelo de la pilocarpina donde 350mg/kg de solución de pilocarpina son inyectados vía I.P en animales de experimentación (ratas Wistar o Sprague Dawley) el cual después de ocasionar un *Status Epilepticus* en el animal ocasiona daño cerebral severo, llevando al animal a desenvolver la epilepsia refractaria propiamente dicha, cuando los animales comienzan a presentar estas crisis (7-14 días después de la inducción del modelo)[4] los animales comienzan a ser video monitoreados para así ver la frecuencia con la que las crisis epilépticas se presentan por un tiempo determinado (tiempo de evaluación del fármaco) , cuando los animales son o no tratados con algún medicamento. Después del tiempo de evaluación del fármaco en cuanto a la frecuencia de crisis se refiere , se hacen estudios histológicos de alta precisión con coloraciones específicas, como el Cresil Violeta, NeuN, Fluro JDB, DAPI, Golgi entre los cuales nos van a revelar, el desplazamiento neuronal, la cantidad de células totales y de neuronas que pueden perderse cuando es inducido el modelo, y a su vez la conservación o beneficios a nivel celular y neuronal que pueden tener los diversos tratamientos experimentales para asi ir desenvolviendo la mejor alternativa para los pacientes que sufren de epilepsia que aún no son controladas.

FILOGENIA MOLECULAR INTEGRADA Y ESTUDIOS MORFOLÓGICOS DE *DAUCUS* (*APIACEAE*): NUEVAS FUENTES DE GERMOPLASMA PARA CRIADORES DE ZANAHORIA

INTEGRATED MOLECULAR PHYLOGENY AND MORPHOLOGICAL STUDIES OF DAUCUS (APIACEAE): NEW GERMPLASM RESOURCES FOR CARROT BREEDERS

PhD. Carlos I. Arbizu Berrocal
Plant Breeding and Plant Genetics Program, University of Wisconsin-Madison, USA

Resumen

El género *Daucus* L. envuelve a la zanahoria cultivada (*D. carota* subsp. *Sativus),* la cual es el miembro más importante en la familia *Apiaceae* en términos de economía y nutrición. Este género se beneficiaría de una clasificación moderna, sin embargo actualmente no hay un consenso sobre el número de especies o subespecies en el género. Este estudio de investigación aprovecha la tecnología de secuenciamiento de nueva generación para establecer los límites de las especies y las relaciones entre los miembros de *Daucus*. La utilidad de 94 ortólogos nucleares para la resolución taxonómica de zanahorias silvestres y cultivadas fue explorada junto con un análisis fenotípico complementario. Árboles filogenéticos, formados por 2 clados principales (A y B), fueron altamente resueltos, con un soporte *bootstrap* de 100% para la mayoría de los clados. Junto con los análisis morfológicos, se resolvieron múltiples accesiones de muchas especies diferentes como monofiléticas con fuerte soporte, pero fallaron en confirmar los miembros pertenecientes al complejo *D. carota* y *D. guttatus*. Además, los caracteres morfológicos mostraron una enorme variación con estados de caracteres que se superponen en muchos taxones. Una nueva combinación *Daucus carota subsp. capillifolius* fue confirmada. Un estudio molecular y morfológico integrado y una tipificación de los miembros de este último complejo se llevó a cabo para esclarecer los nombres de las especies y la relación en este grupo de zanahorias silvestres, identificando 4 especies: *D. bicolor*, *D. conchitae, D. guttatus* y *D. setulosus*, y caracteres morfológicos que permiten su identificación apropiada. La clasificación del complejo *D. carota* se probó con polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) generados a través de genotipificación por secuenciación (GBS), reconociendo 5 subespecies: *capillifolius, carota*, *gummifer, maximus* y *sativus*. Una evaluación del germoplasma de la zanahoria indicó que las especies más resistente a la plaga de la hoja de Alternaria (ALB) fueron la zanahoria no emparentada *Ammi visnaga* y la zanahoria silvestre emparentada *D. crinitus*. Se evaluó la capacidad predictiva de la resistencia a ALB de los árboles filogenéticos de *Daucus*, mostrando que las zanahorias que poseen cromosomas 2n=18, fueron significativamente más resistentes a ALB que los miembros de otros clados de la filogenia *Daucus*.

REVELANDO LOS SECRETOS DEL CÁNCER EN LA ERA DE LAS "ÓMICAS" MEDIANTE ANÁLISIS DE BIG DATA

REVEALING THE SECRETS OF CANCER IN THE AGE OF THE "OMICS" THROUGH BIG DATA ANALYSIS

PhD. Claudia Machicado Rivero
Staff Member, Institute for Biocomputation and Physics of Complex Systems, University of Zaragoza, Spain.
Laboratory Head, Cancer Genomics and Epigenomics, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú

Resumen

Los proyectos "omicas" del cáncer incluidos los proyectos de genomas, proteomas y metabolomas están contribuyendo a mejorar nuestro conocimiento sobre la biología de los tumores. La gran cantidad de datos que se generan de los proyectos "omicas" (Big data) sólo es posible entenderla cuando se analiza dicha información en el contexto de la célula y organismo, empleando técnicas computacionales. Por tanto, el análisis de big data constituye el último eslabón en los proyectos "omicas" del cáncer y es esencial para comprender las bases moleculares del cáncer e identificar nuevos marcadores y dianas de relevancia en la práctica clínica.

LA BASE DE DATOS Y EL SERVIDOR DEL PROYECTO "HUMAN GENE CONNECTOME"

THE HUMAN GENE CONNECTOME (HGC) DATABASE AND SERVER

Mg. David Requena Anicama
Rockefeller University, New York, USA

Resumen

Las nuevas tecnologías de secuenciamiento hacen posible secuenciar decenas de muestras a precios accesibles. Cada vez son más comunes los estudios donde se comparan múltiples muestras, por ejemplo, para explorar el componente genético detrás de una característica clínica de una enfermedad. Como resultado, se obtienen miles de variantes genéticas por individuo, de las cuales normalmente se desconoce el patrón hereditario y heterogeneidad genética poblacional, haciendo difícil discernir cuáles mutaciones resultan en enfermedad en cada caso. Sin embargo, a nivel poblacional existe cierta homogeneidad en las alteraciones de rutas subyacentes.

Existen bases de datos y exploradores sobre interacción biológica experimental entre proteínas, como String, FunCoup y HumanNet. Actualmente String es la más completa, incluyendo información de Gene Ontology (GO), Protein Data Bank (PDB), Molecular INTeraction database (MINT) y Reactome. Y categoriza la interacción entre proteínas en niveles de relación, calculando un score que representa cuánta evidencia defiende dicha relación. Estos exploradores toman como input genes que deben estar asociados en una red y calculan los genes que podrían estar asociados a ellos, extendiendo la red. Sin embargo, no permiten estudiar genes donde se desconoce si están asociados entre sí y no calculan posibles rutas entre dos genes de interés.

Para ello se desarrolló el Human Gene Connectome (HGC) (Itan *et al*., 2013). Para construirlo se consideró sólo evidencia correspondiente a proteínas con interacción reportada. Se definió como distancia biológica directa entre dos proteínas a la inversa del score calculado por String. Y como mínima distancia biológica, a la suma mínima de las distancias entre dos proteínas, tomando en cuenta las distancias con cada intermediario entre ellas, multiplicada por el número de intermediarios. Además, se desarrolló un alineamiento genético funcional, que agrupa los genes de acuerdo a su distancia biológica.

Entonces, el HGC se presenta como una herramienta única en estudios de genética humana que permite realizar análisis exploratorios a gran escala y responder a necesidades distintas, como predecir rutas entre dos genes conectados indirectamente. Y categorizar genes en relación a genes centrales de interés, o simplemente en relación a ellos mismos, generando potenciales redes de interacción.

Link: http://lab.rockefeller.edu/casanova/HGC

PANELES DE RESECUENCIACIÓN DIRIGIDA COMO UNA HERRAMIENTA ÚTIL EN EL DIAGNÓSTICO DE ENFERMEDADES LISOSÓMICAS

TARGETED GENE RESEQUENCING PANELS AS A USEFUL TOOL IN THE DIAGNOSIS OF LYSOSOMAL DISEASES

PhD (c). Diana Elizabeth Rojas Málaga
Universidade Federal de Rio Grande do Sul, Brasil

Resumen

Las enfermedades lisosómicas (ELs) son un grupo heterogéneo de más de 50 desórdenes genéticos. Entre los factores que tornan difícil su diagnóstico están la variabilidad en el fenotipo y penetrancia, así como los signos y síntomas poco específicos. El diagnóstico certero llevaría a un apropiado aconsejamiento genético y mejores resultados para terapias actuales, como la terapia de reposición enzimática, aprobada para algunas ELs en el Brasil. Las tecnologías de secuenciación de nueva generación (*NGS*) tienen una clara ventaja sobre las técnicas convencionales. Sin embargo, transferirla a la rutina clínica requiere una fase previa de validación. Diseñamos tres paneles para la resecuenciación simultánea de 24 genes asociados a ELs. En este trabajo describimos la evaluación de un enfoque basado en el *NGS* para el diagnóstico de las ELs y su aplicación en casos con resultados alterados de tamizaje neonatal.

EL ROL DE LA NORADRENALINA EN EL REFLEJO DE AUTORESUSCITACION NEONATAL

THE ROLE OF NORADRENALINE IN THE REFLEX OF NEONATAL AUTO-RESUSCITATION

PhD (c). Fatima B. Saldaña Morales
Neuroscience PhD. Program, Baylor College of Medicine, USA

Resumen

Los circuitos neuronales que controlan la respiración han evolucionado en una red altamente compleja y redundante que, en la mayoría de mamíferos, continua desarrollándose durante las primeras dos semanas de vida. Una característica importante en la respiración neonatal es el reflejo de autoresuscitación, el cual refleja la habilidad del recién nacido de dar boqueadas de aire y recuperar su ritmo cardiaco y respiratorio en circunstancias de hipoxia extrema, asegurando así la supervivencia del recién nacido. Anormalidades en este reflejo han sido involucradas en patologías que amenazan la vida como el Síndrome de Muerte Súbita Infantil (SIDS). A pesar de los muchos estudios implicando el rol de la noradrenalina en el control cardiorrespiratorio y SIDS el rol del sistema noradrenérgico en la regulación de la función cardiorrespiratoria y el reflejo de autoresuscitación neonatal se mantiene pobremente entendido. Este trabajo de investigación hipotetiza que el sistema noradrenérgico controla de manera aguda el reflejo de autoresuscitación neonatal. Para probar la hipótesis se activó o silenció el sistema noradrenérgico en ratones neonatos P7-P8 utilizando Receptores Diseñados Específicamente Activados por Drogas Diseñadas (DREADDS). Los ratones fueron expuestos a periodos repetitivos de anoxia (3%CO_2, 97% N_2) para generar el reflejo de autoresuscitación. Los parámetros respiratorios fueron medidos utilizando un pneumotacógrafo de cabeza afuera que fue ajustado a la medida de los ratones neonatos. Activación aguda del Sistema noradrenérgico durante el reto anóxico resultó en una disminución de los eventos de autoresuscitación exitosa, mientras que un silenciamiento agudo resultó en una tendencia a mayor supervivencia y tiempo antes de sucumbir. Estos resultados preliminares junto con otros parámetros medidos sugieren que el Sistema noradrenérgico podría estar actuando como un modulador del reflejo de autoresuscitación neonatal en ratones.

INVESTIGANDO LOS MECANISMOS MEDIANTE LOS CUALES LA A-SINUCLEINA INTERVIENE EN EL DESARROLLO DE LA ENFERMEDAD DE PARKINSON UTILIZANDO NEURONAS DERIVADAS DE CÉLULAS IPS

INVESTIGATING THE ROLE OF A-SYNUCLEIN IN THE DEVELOPMENT OF PARKINSON DISEASE USING IPS-DERIVED NEURONS

PhD (c). Jessica Santiváñez Perez
Cambridge University, United Kingdom

Resumen

La α-sinucleina es una proteína sináptica, preferentemente localizada en los terminales neuronales. Esta proteína es el principal constituyente de los filamentos encontrados en los cuerpos de Lewy, las lesiones características de los pacientes de Parkinson. El mal de Parkinson es un trastorno neurodegenerativo crónico que conduce a la destrucción de neuronas dopaminérgicas pigmentadas ubicadas en la sustancia negra del cerebro. Mutaciones genéticas, duplicaciones y triplicaciones del gen que codifica la α-sinucleina resultan en el desarrollo de esta enfermedad. Gracias al descubrimiento de las células iPS, es posible generar modelos *in vitro* del Parkinson. Las iPS son células madre pluripotentes inducidas que se derivan de células adultas. El presente estudio aprovecha esta tecnología, cultivando células iPS procedentes de pacientes con Parkinson o de individuos sanos para diferenciarlas a neuronas dopaminérgicas. Debido a que la α-sinucleina regula el flujo de las vesículas pre-sinápticas, su disfunción puede resultar en la pérdida de sinapsis – un proceso que puede comenzar mucho antes de que se formen los cuerpos de Lewy. Por lo tanto, este proyecto examina la distribución de proteínas pre-sinápticas, así como las propiedades electrofisiológicas de estas neuronas luego de 30, 50 y 100 días en cultivo. Resultados preliminares indican que la proteína synaptobrevina-2 tiene una distribución particular en las neuronas derivadas de pacientes, y que mantener células tan delicadas vivas por más de tres meses no es una tarea fácil.

EVALUACIÓN DEL EFECTO NEUROPROTECTOR DEL EXTRACTO PENTANICO DE Lepidium meyenii (Maca) EN MODELO ANIMAL EXPERIMENTAL DE ISQUEMIA CEREBRAL FOCAL

NEUROPROTECTIVE EFFECT OF THE EXTRACT OF Lepidium meyenii Walp (Maca) IN ANIMAL MODEL OF FOCAL CEREBRAL ISCHEMIA

Katerin Taboada Rosell [1], Larissa Rolim de Oliveira [2], Ivone Farias Cunha [2], Andressa Del Carmen Tejeda Sebastiani [1], Emmily Peticia Nascimento Sales [1], Valterlucio Santos Sales [3], Luciana Malavolta Quaglio [2], Glauber Lopin 3, Mark Böhlke [4], Alejandro Pino-Figueroa [4], Timothy J. Maher $_4$, Ricardo Mario Arida [3], Karin Jannet Vera-Lopez [5], Francisco Romero Cabral [1,2]

[1]Hospital Israelita Albert Einstein, Brasil. [2]Faculdade de Ciências Médicas da Santa Casa de São Paulo. São Paulo, Brasil. [3]Universidad Federal de São Paulo, São Paulo, Brasil. [4]MCPHS University, 179 Longwood Avenue, Boston MA 02115, USA. [5]Universidad Católica de Santa Maria, Arequipa, Perú.

Resumen

El propósito de este estudio fue determinar si el extracto de *Lepidium meyenii* (Maca) puede ayudar a mejorar la muerte celular neuronal causada por la isquemia cerebral en un modelo animal de accidente cerebrovascular experimental.

El efecto neuroprotector de la *Lepidium meyeni* (maca) se evaluó mediante un post-tratamiento con el extracto pentánico de maca en el modelo de isquemia cerebral focal. Se indujeron ratas Wistar en el modelo, recibiendo una dosis de 5 mg.kg $^{-1}$ i.p. Después de la reperfusión dosis de 1 mg.kg $^{-1}$ vía oral durante 10 días. Después de la inducción del modelo se realizaron test comportamentales, tales como, escala sensorio-motora, campo abierto y esquiva inhibitoria. Notando que nuestro extracto es capaz de reducir el área de infarto y mejorar los déficits cognitivos y sensorio- motores, preservando la memoria y las regiones neuronales del hipocampo, expresadas por la parvalbúmina (+), nuestros resultados sugieren una posible aplicación del extracto pentánico de Maca como posible neuroprotector.

Síndrome de CCR hereditario (polipósico y no polipósico)

Hereditary RCC syndrome (polyposis and non-polyposis)

Dra. Mária del Carmen Mujica
Equipo Funcional de Genética y Biología Molecular, Área de Tumores Sólidos, Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas, Lima, Perú.

Resumen

El cáncer colorrectal (CCR) es la cuarta neoplasia más frecuente en el mundo y ocupa la quinta causa de muerte por cáncer a nivel mundial. En el Perú se diagnostican aproximadamente 2000 casos nuevos de CCR al año. Según el origen de las alteraciones genéticas que originan el cancer, el CCR se clasifica en: a) esporádico (~70%): presente en mayores de 50 años y debido a mutaciones génicas espontáneas en las células colónicas, y b) genético (~30%): se presenta 10 a 20 años antes que los casos esporádicos. Los síndromes de predisposición genética al cáncer colorrectal se dividen en polipósico y no polipósico. Los síndromes de poliposis colónica se distinguen por la edad de presentación, tipo y número de pólipos, patrón de herencia, genes alterados, manifestaciones extracolónicas asociadas y el porcentaje de riesgo a desarrollar CCR. Estos síndromes incluyen: poliposis adenomatosa familiar (PAF), síndrome de Gardner (GS), síndrome de Turcot (TS), entre otros. El síndrome de CCR hereditario no polipósico o síndrome de Lynch (SL), es el CCR hereditario más frecuente y se debe a la mutación a nivel germinal en alguno de los genes de reparación de los errores de replicación del ADN (MMR): MLH1, MSH2, MSH6 y PMS2. Además del riesgo a desarrollar CCR, el síndrome CCRHNP confiere un riesgo elevado a desarrollar otras neoplasias extracolónicas como el cáncer de endometrio, intestino delgado, ovario, estómago, uréter, cerebro, vía biliar, entre otros. Los pacientes con sospecha clínica de Síndrome de Lynch, deben ser evaluados mediante el cumplimiento de criterios clínicos de Amsterdam II y revisados de Bethesda para dirigir los estudios de inestabilidad de microsatélites (IMS) y/o el de inmunohistoquímica (IHQ), para posteriormente realizar el análisis por secuenciamiento génico de los genes MMR. La evaluación clínico genética de todo paciente con o sin poliposis colónica que presente un CCR a una edad menor de 50 años y/o con antecedentes familiares de CCR u otras neoplasias extracolónicas asociadas, es fundamental para realizar el diagnóstico de los síndromes hereditarios de predisposición al CCR y solicitar los estudios génicos correspondientes, además de brindar la asesoría genética al paciente y sus familiares en riesgo y poder establecer las medidas de seguimiento y estrategias de prevención adecuadas a fin de evitar la morbimortalidad por cáncer.

REGULACIÓN POS-TRANSCRIPCIONAL RELACIONADA CON ESTRÉS ABIÓTICO EN *Eugenia uniflora L.* (Myrtaceae)

POST-TRANSCRIPTIONAL REGULATION RELATED TO ABIOTIC STRESS IN *Eugenia uniflora L. (Myrtaceae)*

PhD (c). Maria Lisseth Eguiluz Moya
Programa de Genética y Biotecnologia Molecular, Universidade Federal de Rio Grande do Sul, Brasil

Resumen

Eugenia uniflora es un árbol frutal del Neotropico nativo de América del Sur. Se puede considerar un modelo de estudio ecológico porque crece en varios tipos de vegetación, incluyendo bosques, restingas, ambientes áridos y semiáridos en el noreste de Brasil. También es famoso por la presencia de metabolitos secundarios que se aplican en la medicina popular. Las técnicas de secuenciamiento de alto rendimiento han llevado al descubrimiento de diferentes mecanismos que regulan la expresión génica, incluyendo la presencia de pequeñas especies de ARN no codificantes. Estos incluyen a los bien conocidos y estudiados microRNAs que desempeñan papeles importantes en muchos procesos biológicos, incluyendo desarrollo de hojas, desarrollo de tallos, desarrollo floral, desarrollo de raíces, transducción de señales, cambio de fase y regulación de su propia biogénesis. Además, existe otro tipo llamado tRFs (fragmentos derivados del ARN de transferencia) que pueden actuar de forma más ubicua y regular muchos procesos biológicos de lo previamente apreciado.

DEL MAR A LA TIERRA: EVOLUCIÓN MOLECULAR Y ADAPTACIONES DURANTE LA TERRESTRIALIZACIÓN EN CARACOLES

FROM SEA TO EARTH: MOLECULAR EVOLUTION AND ADAPTATIONS DURING SNAILS TERRESTRIALIZATION

PhD (c). Pedro E. Romero Condori
Institute for Ecology, Evolution and Diversity, Department of Biosciences, Goethe University, Germany
Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú

Resumen

La transición desde el hábitat marino al terrestre fue uno de los eventos más sorprendentes en la historia de la vida en la tierra, demandando la aparición de adaptaciones para lidiar con las características del nuevo ambiente. Los moluscos son uno de los grupos más exitosos en la conquista del hábitat terrestre. Por ejemplo, varios linajes del clado Panpulmonata (Gastropoda) han invadido las zonas intemareales, de agua dulce y terrestres. En mi investigación, usando herramientas de bioinformática, filogenética y evolución molecular, utilicé a los panpulmonados como modelo para estudiar adaptaciones a nivel molecular. Pare ello, comparé mitogenomas de caracoles terrestres con otros panpulmonados, usé el test de selección natural en estos linajes y detecté dos genes bajo selección positiva: *cytb* y *nad5*. Sorprendentemente, encontré, que las mismas posiciones bajo selección positiva en caracoles terrestres también se encontraron bajo selección en vertebrados (ballenas, murciélagos y roedores). Esto sugiere un patrón de adaptación paralela a nivel genético para lidiar con las nuevas demandas metabólicas en el nuevo hábitat. Además, generé transcriptomas de varias especies de panpulmonados y apliqué el test de selección natural a nivel genómico en linajes terrestres y de agua dulce. Identifiqué señales de adaptación en genes envueltos en el desarrollo de superficies de intercambio gaseoso y metabolismo energético en caracoles terrestres; y genes relacionados a la respuesta a estrés ambiental, en los de agua dulce. Esta investigación provee nuevas perspectivas para entender la base genómica de la adaptación durante las transiciones del mar a la tierra.

BIOTECNOLOGÍA Y ESTRÉS SALINO EN TOMATE

BIOTECHNOLOGY AND STRESS OF SALT IN TOMATO

Mg. Ramses Salas Asencios
Universidad Nacional Federico Villarreal, Lima, Perú

Resumen

Se hace referencia a la importancia del estudio bioquímico y molecular de los efectos del estrés salino en el crecimiento y productividad del tomate. En los aspectos bioquímicos, el estrés salino genera acumulación de azúcares y otros compuestos osmóticamente activos, tales como el aminoácido prolina y una disminución en la producción de clorofila, así como un cambio en el contenido de minerales (traducido principalmente en una acumulación de sodio y una disminución de potasio en las plantas), mecanismos que permitirán a la planta una tolerancia a la salinidad. Molecularmente, ya se ha estudiado la expresión de muchos genes tales como la osmotina (una proteína de compensación del bajo potencial hídrico y asociada también a respuesta a patógenos) y enzimas como la betaína aldehído deshidrogenasa en respuesta al estrés salino. El desarrollo de plantas transgénicas ha permitido diseccionar molecularmente muchas de las vías asociadas a la tolerancia a la salinidad (como la compartamentalización y/o remoción del sodio y los mecanismos de ajuste del estrés oxidativo), lo que permite discutir la posibilidad de obtener cultivos de tomate genéticamente mejorados con alta tolerancia a la salinidad.

IDENTIFICACIÓN DE ALTERACIONES EN LA EXPRESIÓN DE PSEUDOGENES Y SUS GENES PARENTALES CORRESPONDIENTES EN ADENOCARCINOMA PULMONAR

IDENTIFICATION OF CHANGES THE EXPRESSION OF PSEUDOGENES AND THEIR CORREPONDING GENES IN PARENTAL LUNG ADENOCARCINOMA

PhD(c). Rainer Marco Lopez Lapa
Universidade Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho" UNESP, Brasil

Resumen

A pesar de los avances en estrategias de diagnóstico y tratamiento de tumores. En muchos casos, el pronóstico de los pacientes aún presenta una alta morbididad y mortalidad asociada a la enfermedad. En esta década, fueron identificados moleculares con potencial terapéutico, ejemplo, el receptor de factor de crecimiento epidérmico (*EGFR*) genero avances en el tratamiento con el desarrollo de inhibidores tirosina-quinase de EGFR. Entretanto, esas terapias benefician una pequeña porción (~15%) de los pacientes. Por tanto, la identificación de otras alteraciones que puedan constituir biomarcadores con utilidad clínica potencial es extremamente relevante. En este contexto, las estrategias de secuenciamiento de alto desempeño (RNA-seq) han identificado nuevos biomarcadores, incluyendo RNAs no codificantes y pseudogenes asociados a procesos patológicos como neoplasias. Pseudogenes son transcritos que presentan homología a genes (parentales) codificadores de proteínas. Estudios recientes (2015-2016) sugieren que pseudogenes expresos tienen un papel funcional en la regulación de sus genes parentales. De hecho, centenas de pseudogenes fueron mapeados/identificados en una variedad de tejidos humanos. Entretanto, a identificación de pseudogenes y a su asociación con cánceres humanos es poco investigada.

MODULACIÓN PROMOVIDA POR UN NUEVO PEPTIDO INTRACELULAR RIC4 EN LA FUNCIÓN CELULAR

MODULATION PROMOTED BY THE NEW INTRACELLULAR PEPTIDE RIC4 ON CELL FUNCTION

PhD Ricardo Pariona Llanos
Laboratório de Farmacología de los Péptidos intracelulares – Univerisdad de São Paulo – São Paulo – Brasil.

Resumen

Estudios recientes mostraron que los ratones knockout para Neurolisina (KO) presentan aumento en la captación de glucosa, sensibilidad a la insulina y gluconeogenesis. El hígado de estos animales KO presentaron un aumento de mRNA para vários genes relacionados con la gluconeogenesis. El análisis peptidomica despues de una marcación isotópica semi-cuantitativa sugiere aumento en peptídos intracelulares específicos, en el músculo y tejido adiposo epididimal, que probablemente estan envolvidos con el aumento de la tolerancia a la glucosa y sensibilidad a la insulina de esos KO. Estos resultados sugieren una nueva posibilidad terapeutica que los peptídos intracelulares substratos/productos de la Neurolisina sean esenciais para el metabolismo energético, podiendo ser utilizados para mejorar la captación de glucosa y sensibilidad a la insulina. Presentamos aqui un nuevo peptído intracelular Ric4 que esta envolvido en la regulación de la expresion gênica y relacionado con aspectos moleculares y fisiológicos importantes en la regulación celular.

HISTORIA EVOLUTIVA DE LAS POBLACIONES NATIVAS AMERICANAS DESDE UNA PERSPECTIVA GENÓMICA

UNDERSTANDING THE NATIVE AMERICAN HISTORY USING GENOME-WIDE DATA

PhD (c). Victor Borda Pua
Universidad Federal de Minas Gerais, Brasil

Resumen

El poblamiento de América representa uno de los principales hitos en la historia de la evolución humana en la cual, los primeros americanos llegaron desde Asia hacia Norteamérica y continuaron hasta el extremo sur de Chile. A pesar de que la expansión fue a lo largo de América se dio rápidamente, la colonización de áreas como los Andes y el bosque Amazónico representaron un reto debido a las condiciones climáticas y geográficas de estas. Registros históricos indican que las poblaciones que habitaron en estas regiones mantuvieron contacto basado en el trueque de diversos objetos, pero ¿este contacto fue sólo cultural o económico o estuvo acompañado de flujo genético? Para responder a esta pregunta generamos datos de alta densidad de SNPs de diversas poblaciones nativas de los Andes y Amazonas con el objetivo de describir la composición genética y estructura poblacional de estas en relación a otras poblaciones Nativo Americanas. Estos datos nos permiten comprender mejor las relaciones históricas entre poblaciones nativas así como tener una visión más clara de cuándo y cómo se llevó a cabo el poblamiento de Sudamérica.

SOLUBLE ST2: NUEVO BIO-MARCADOR DE ENFERMEDADES CARDIOVASCULARES

SOLUBLE ST2: NEW BIOMARCATOR OF CARDIOVASCULAR DISEASES

Dr. Victor Samillán Soto
Instituto Nacional de Salud del Niño, San Borja, Perú

Los bio-marcadores son diferentes clases de sustancias que se encuentran en el organismo, algunos de ellos aparecen con las enfermedades, otros solo aumentan o disminuyen sus concentraciones con el inicio de algún cambio fisiológico o bioquímico del organismo; pero, lo más importante para un bio-marcador es que sea confiable es decir se puedan medir sus concentraciones en el tiempo. Dentro de los bio-marcadores unos de los más estudiados son los bio-marcadores para enfermedades cardiovasculares, este grupo de bio-marcadores se encuentra compuesto por gran cantidad de sustancias que ya han sido bien caracterizadas en diferentes poblaciones y que son de uso diario en la clínica. El descubrimiento de ST2 soluble, dio inicio a una gran cantidad de investigaciones que buscaban caracterizarlo como un bio-marcador de enfermedades cardiovasculares, el estudio que logro lanzarlo como un bio-marcador de gran utilidad fue el estudio Framingham Heart Study, que fue un estudio realizado por la universidad de Boston y el National Heart, Lung and Blood institute en el cual se demostró que el ST2 soluble es un biomarcador que puede ser usado en una gran variedad de enfermedades cardiovasculares.

ST2 es un receptor del grupo de la interleucinas IL 1 que juega un rol muy importante en el sistema inmune y la respuesta a estresores externos, tiene dos isoformas, una que es una proteína de membrana y la isoforma soluble que es la que usamos como bio-marcador, estas dos isoformas tienen funciones opuestas. La interleucina que interactúa con este receptor es la interleucina 33, este proceso de interacción entre la IL 33 y el receptor Soluble ST2 es la que estamos caracterizando para la población peruana.

PRESENTACIÓN DE PÓSTERES

IDENTIFICACIÓN DE PRODUCTOS CÁRNICOS MEDIANTE EVALUACIÓN DEL GEN CITOCROMO OXIDASA SUBUNIDAD I (COI)

Obispo D. [1], Acosta, O.
Laboratorio de Genética, Biología de Sistemas y Desarrollo Computacional. Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima-Perú.
[1] daimaria10@gmail.com

Resumen

Introducción: Las nuevas tecnologías como el análisis molecular del gen COI permiten la evaluación del Código de barras de ADN (barcoding), es un sistema molecular basado en la rápida identificación de materias primas y de productos cárnicos, convirtiéndose en el instrumento más eficaz para la trazabilidad y autenticidad en el sector alimentario. El gen mitocondrial COI se está utilizando para el reconocimiento de las especies animales de interés alimentario pues la secuencia es lo suficientemente variable y específico para cada especie. La utilización de una metodología basada en secuencias de ADN podría facilitar y economizar el proceso de trazabilidad e identificación de especies. Las herramientas bioinformáticas permiten la aplicación de diversos campos científicos, ayudando a los investigadores a descifrar y gestionar datos biológicos que crecen de manera exponencial en tamaño y complejidad. **Objetivo:** Identificar la autenticidad de diferentes productos cárnicos mediante evaluación del gen citocromo oxidasa subunidad I (COI). **Métodos:** Se recolectaron 27 muestras de res, cordero, cerdo, pollo, llama y pescado provenientes de productos cárnicos de diferentes establecimientos comerciales. Las carnes recolectadas se conservaron en alcohol de 70° y se almacenaron a -20°C hasta realizar el aislamiento del ADN siguiendo el método de extracción de ADN genómico con kit comercial. Luego se realizó la amplificación con la técnica de PCR-RFLP con primers específicos para el gen mitocondrial citocromo oxidasa sub unidad 1 (COI), obteniéndose un amplificado de 710 pb y tratado con enzima de restricción Hpa II. Además el amplificado fue secuenciado por el método de Sanger, y analizado con herramientas bioinformáticas. **Resultados**: Se optimizaron las condiciones para la extracción del ADN, obteniéndose un ADN de buena calidad, y las condiciones óptimas para la PCR y digestión enzimática. La prueba con la enzima de restricción Hpa II genero las bandas esperadas para las especies evaluadas, salvo en la muestra de cerdo. Se vienen analizando secuencias existentes en la base de datos Genbank y en el Barcode of Life Data Systems (BOLD) con las obtenidas en el estudio, aplicando programas bioinformáticos (Bioedit, Mega, ClustalW) para el alineamiento múltiple de las secuencias y análisis filogenético. **Conclusión:** Los productos cárnicos pueden ser identificados y diferenciados evaluando el gen citocromo oxidasa sub unidad I (COI), de tal manera que sea un método de evaluación de trazabilidad y autenticidad en el sector alimentario.

Palabras claves: Productos cárnicos, Barcode DNA, gen mitocondrial COI.

RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE CEPAS DE *Helicobacter pylori* AISLADAS DE PACIENTES DISPÉPTICOS DEL HOSPITAL CAYETANO HEREDIA

Chu M.[1], Olano M.[1], Ojeda N.[1], García C.[2], Guevara J.[2], Espinoza J.[1,2], Torres L. [1,2], Bellido A. [1], [2], Rosado M.[1,2]; Cok J.[1,2], Cáceres J.[1,2], Salinas C.1; Pinto J.[1,2], Castillo D.[1], Sauvain M.[1, 3, 4], Bussalleu A. [1, 2]

[1] *Universidad Peruana Cayetano Heredia,* [2] *Hospital Cayetano Heredia,* [3] *Institut de recherche pour le développement,* [4] *Universidad Paul Sabatier de Toulouse, Francia.*

***** *manuel.chu.m@upch.pe*

Resumen

Introducción: La infección por *Helicobacter pylori* (Hp), tiene alta prevalencia a nivel mundial y está relacionada con enfermedades gastrointestinales como gastritis, úlcera péptica, linfoma MALT y cáncer gástrico. Diversos antibióticos son usados en el tratamiento de esta infección. En los últimos años, la resistencia antimicrobiana se ha incrementado disminuyendo la tasa de erradicación. **Objetivo:** Determinar la resistencia antimicrobiana de Hp en pacientes dispépticos del Hospital Cayetano Heredia (HCH). **Metodología:** Se reclutaron 147 pacientes dispépticos del HCH entre febrero y junio del 2016. Se aisló Hp mediante cultivo microbiológico a partir de biopsias gástricas obtenidas del antro, cuerpo y ángulo del estómago. Se determinó la resistencia antimicrobiana mediante test de susceptibilidad según la técnica de microdilución en caldo infusión cerebro-corazón suplementado con suero fetal bovino e IsoVitaleX™, con un periodo de incubación de 72 horas y en condiciones de microaerobiosis. Se utilizaron los puntos de corte para cada antimicrobiano recomendado por The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) y Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). **Resultados:** Se aislaron 88 cepas de Hp a partir de 147 pacientes dispépticos. Se logró determinar la resistencia antimicrobiana en 76 cepas. Las tasas de resistencia obtenidas son: Levofloxacina 76%, Metronidazol 67%, Amoxicilina 57%, Claritromicina 32% y Tetraciclina 17%. Además, el 28% de las cepas aisladas muestran resistencia a 2 antimicrobianos, el 21% a 3 antimicrobianos, el 20% a 4 antimicrobianos y el 8% a 5 antimicrobianos. **Conclusiones.** Estos resultados evidencian una alta resistencia de Hp a los antimicrobianos estudiados en la población dispéptica del HCH. Se recomienda continuar con estos estudios con el fin de obtener información para brindar tratamientos más efectivos.

Palabras claves: *Helicobacter pylori*, resistencia antimicrobiana.

"ANÁLISIS DEL EFECTO DE LA RADIACIÓN ULTRA VIOLETA-B EN UN CONSORCIO DE MICROALGAS CULTIVADAS EN FOTOBIOREACTORES ARTESANALES EN LA UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA LA MOLINA"

Geronimo G.[1], Mendoza J.[1], Juscamaita J.[2], Advíncula O.[3]
[1] *Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Agraria la Molina s/n Perú, Av. La Molina, Lima-Perú.* [2] *Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Biorremediación – Universidad Nacional Agraria la Molina- Departamento de Biología. s/n Perú, Av. La Molina, Lima-Perú.*[3] *Instituto de Biodiversidad y Paisajes IBP. Jr. José Gálvez 1083-204.Cercado De Lima. Lima.*
[1] *edu.ggm@gmail.com,*[2] *jjm@lamolina.edu.pe,* [3] *orlandoad@gmail.com*

Resumen

Las microalgas son organismos vivos que involucran una serie de parámetros que deben ser considerados, evaluados, determinados y medidos para realizar con éxito un cultivo y mejorar la producción de biomasa en un medio de agua del rio Rímac. Por lo cual, en el presente trabajo se tiene como objetivos determinar cuantitativamente la biomasa por el efecto de la radiación UV-B (RUV-B, 280-315nm) aplicada en distintos intervalos de tiempo (0, 15, 30, 45 y 60 minutos) a un consorcio de microalgas: *Nitzschia sp., Anabaena sp.*, *Scenedesmus sp.*, *Chlorella* sp. y *Oscillatoria* sp., *Navicula sp*. Se evaluó el desarrollo del trabajo en *condiciones controladas* en el Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Biorremediación, y en *condiciones ambientales* en el techo de la Facultad de Ciencias, ambos ubicados en la UNALM. Luego de la irradiación se cultivaron en Fotobioreactores artesanales durante 22 días entre los meses de junio y julio del presente año. Los resultados obtenidos demuestran que sí ocurrió interacción significativa ($P< 0.05$) permitiendo obtener mayor biomasa con respecto al control, confirmando que la exposición frente a la RUV-B provocó una respuesta de las microalgas. La biomasa producida por los Fotobioreactores si presentó una correlación significativa (R=0.55, $P< 0.05$), dada la no especificidad del crecimiento del consorcio de microalgas. Se concluye, que los Fotobioreactores *condiciones controladas* sometidos 60 minutos tienen mayor biomasa promedio 4.5mg/ml a diferencia del control que presentó 2.5mg/ml, lo cual demuestra que hay un efecto de la RUV-B (470µW cm-2). En cuanto a los Fotobioreactores en *condiciones ambientales* de 15 y 30 minutos presentó 2.83mg/ml y 3.0mg/ml respectivamente.

Palabras claves: Consorcio microalgas, Biorremediación, Biomasa, fotosíntesis.

PRODUCCIÓN DE UN ANTÍGENO CARACTERÍSTICO DE IgG2 BOVINA POR MÉTODOS BIOTECNOLÓGICOS

Buendia C. [1], Rigo V, Jar A., Mundo A.
Cátedra de Inmunología, Facultad de Veterinaria, UBA-Argentina.
[1] *claudiabuendiac@gmail.com*

Resumen

Se ha observado que en la respuesta inmune temprana en el bovino frente a *Mycobacterium avium subsp*. paratuberculosis (Map) hay un predominio de IgG2 que es característica de un perfil TH1. El objetivo de este trabajo es producir un anticuerpo específico para la IgG2 bovina. Para la obtención del inmunógeno se realiza un abordaje biotecnológico, basado en la producción *in vitro* de un fragmento de la IgG2 bovina que es característico y particular de este isotipo, compuesto por 91 aác del dominio CH1, los 14 aác de la región bisagra y 17 aác del dominio CH2 de la cadena pesada Gamma2.

La amplificación se realizó por RT-PCR a partir del ARN total de mononucleares de bazo. Los amplicones se clonaron en el vector pGEM®-T Easy y los productos se utilizaron para transformar bacterias competentes *E. coli* DH5α y obtener el ADN plasmídico. Los insertos se separaron del vector por digestión doble con *Bam*HI y *Hind*III, y se transfirieron al vector de expresión pRSET-A entre estos dos sitios de restricción. En los dos casos, las muestras se enviaron a secuenciar por electroforesis capilar y se comprobó que el fragmento amplificado tiene 99% de identidad con la secuencia de nucleótidos presente en el GenBank (# S82407.1) para Gamma-2 bovina, pero se corresponde con la secuencia informada por Knight y Becker en 1987. Se han iniciado los ensayos de expresión en bacterias *E. coli* BL21 (DE3) PLysS. Se espera que se exprese como una proteína de fusión, con una cola de poli-histidinas en su extremo amino-terminal que permitirá su purificación por columnas de níquel.

Palabras claves: Paratuberculosis, inmunógeno, aminoácidos (aác), isotipo de IgG2 bovino.

EFECTO DEL ÁCIDO INDOL-BUTIRICO Y 6- BENCILAMINOPURINA EN EL ESTABLECIMIENTO *IN VITRO* DE *Persea americana* VAR. MEXICANA

Ramos A.[1], Lopez E.
Universidad Nacional de Trujillo, Facultad de Ciencias Biológicas, Escuela Académico Profesional de Ciencias Biológicas, Trujillo-Perú.
[1] *anaramosr@outlook.com*

Resumen

Con la finalidad de implementar una metodología para propagar clonalmente patrones de palto (*Persea americana* var. mexicana), se propuso determinar el efecto de las combinaciones de los reguladores de crecimiento IBA y BAP a diferentes concentraciones para establecer nudos de *P. americana* var. Mexicana en condiciones in vitro. La presente investigación se realizó en el Laboratorio de cultivos andinos, Escuela académico Profesional de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional de Trujillo. Se utilizó un diseño experimental completamente al azar, con 9 tratamientos, 3 repeticiones y 6 unidades experimentales. Las variables evaluadas fueron altura de plántulas y número de hojas por plántula. De acuerdo a estas variables, se determinó que la dosis de 0.33 ppm de BAP (Bencil amino purina), incentivó el mayor crecimiento de nudos y mayor número de hojas por explanto a los 45 días. De acuerdo a los resultados se concluye que para la obtención de patrones clonales de palto, se considera más eficiente al tratamiento 4 con dosis 0.33ppm de BAP ya que presentó el mayor número de hojas y mayor longitud de plántula, frente a los otros tratamientos.

Palabras claves: *Persea americana* Var. Mexicana., Acido indol-butirico (IBA), 6- bencilaminopurina (BAP), establecimiento *in vitro*.

GERMINACIÓN SIMBIÓTICA EN SEMILLAS DE *Epidendrum secundum* Jacq. (ORCHIDACEAE) DEL DISTRITO DE SANTA ANA, PROVINCIA LA CONVENCIÓN-CUSCO

Huaihua Puma P.[1], Chacón Campana A.
Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Cusco, Perú
[1] *percyhuaihua@gmail.com*

Resumen

Considerando que la importancia de los hongos micorrízicos se debe principalmente a la función que cumple en la germinación de las semillas de orquídeas en la naturaleza. En este trabajo se evaluó la germinación de semillas *Epidendrum secundum Jacq.* en condiciones de laboratorio, utilizando el método simbiótico, bajo la presencia y ausencia de luz. Las semillas fueron inoculadas con hongos del género-forma *Rhizoctonia*, previamente aislados de raíces de tres especies de orquídeas, incluyendo *E. secundum* y uno a partir de tubérculos de papa infectados. Se observaron diferencias estadísticamente significativas ($P < 0.05$) en la germinación, utilizando el tratamiento ALEPS (aislado de *Epidendrum blepharistes Barker ex Lindl.*); el resto de los tratamientos, incluyendo ESEPS (aislado de *E. secundum*) parasitaron las semillas a diferentes grados. Además, se encontró que la luz tuvo diferencias significativas en la germinación, tanto en los controles como en los tratamientos. Los resultados sugieren, que las cepas son capaces de inducir germinación y que no es absoluta la especificidad entre el hongo y su hospedero.

Palabras claves: Germinación, *Epidendrum secundum*, genero-forma *Rhizoctonia*, simbiosis.

EL PAPEL DEL PEZ CEBRA Y RATÓN EN EL DESCUBRIMIENTO DE DROGAS PARA EL TRATAMIENTO DE ENFERMEDADES MENTALES Y NEURODEGENERATIVAS

Tume L.[1,2,3,*], Málaga-Trillo E.[2], Gallo C.[3], Poletti G.[3], Vaisberg A.[1]
[1]*Laboratorio de Biología Celular, Laboratorios de Investigación y Desarrollo, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú.* [2] *Laboratorio de Neurobiología del Desarrollo, Laboratorios de Investigación y Desarrollo, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú.* [3] *Laboratorio de Neurobiología Molecular, Laboratorios de Investigación y Desarrollo, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú.*
** luis.tume.f@upch.pe*

Resumen

Los actuales tratamientos para la esquizofrenia, depresión, desorden bipolar, Parkinson, Alzheimer, etc son parcialmente efectivos y su uso a largo plazo ocasiona efectos secundarios. En el Perú, las enfermedades mentales han sido tratadas por comunidades nativas utilizando preparaciones medicinales a partir de plantas. La medicina tradicional es una fuente potencial de drogas que por su efectividad y sus bajos efectos secundarios estarían actuando bajo mecanismos moleculares diferentes, en comparación a las drogas actuales en el mercado. Actualmente realizamos la separación de compuestos activos de estas plantas haciendo uso de técnicas cromatográficas. Estos compuestos obtenidos son probados en ratones que son inducidos a tener fenotipos de comportamiento de enfermedades mentales, luego se realizan ensayos de citotoxicidad en células de mamíferos para asegurar que no sean tóxicos y además los ensayos moleculares nos dan información de su efecto sobre receptores alterados en las enfermedades mentales. Adicionalmente, usando líneas de pez cebra transgénico, se determinan los efectos que podrían estar teniendo los compuestos en el desarrollo temprano del sistema nervioso y estudiar de qué forma afectan las vías de señalización alteradas en neurodegeneración. Los compuestos con actividad actividad tanto en las pruebas de comportamiento en ratones y pez cebra, se dilucidará su estructura por medio de resonancia magnética nuclear para luego realizar la síntesis y obtener la molécula en grandes cantidades. Los enfoques bioinformáticos como Docking Molecular y Modelamiento molecular nos permitirán realizar pruebas in silico y estudiar a nivel estructural su efecto en proteínas de interés alteradas en enfermedades mentales.

Palabras claves: pez cebra, ratón, neurodegeneración, drogas, enfermedades mentales.

NUEVAS VARIANTES DE *Bartonella* EN ÁREAS CON LA ENFERMEDAD DE CARRIÓN EN EL PERÚ E INFERENCIAS PARA EL DISEÑO DE DROGAS

Motta Angelo[1], Solano Luis[2], Fujita Ricardo[3], Acosta Oscar[1, 2, 3.]
[1] *Facultad de Farmacia y Bioquímica, UNMSM*. [2] *IMT DAC, Facultad de Medicina, UNMSM. Lima, Perú*. [3] *CGBM, Facultad de Medicina Humana, USMP. Lima, Perú.*
** oacostac@yahoo.com; anglo.motta@gmail.com*

Resumen

El género *Bartonella* está comprendido por muchas especies, incluyendo la bacteria nativa *Bartonella bacilliformis.* La identificación molecular es importante para entender la epidemiologia de la enfermedad de Carrión, endémica en Perú. Esta enfermedad es mayormente encontrada en los Andes del Perú y es transmitida a través de un insecto vector, *Lutzomyia*. La enfermedad de Carrión es caracterizada por fiebre aguda y anemia con tasas de mortalidad entre 40 y 90%. La fase anémica podría ir seguida de un episodio secundario más leve caracterizado por lesiones cutáneas semejantes a verrugas. **Objetivo:** Para determinar la presencia de *Bartonela bacilliformis* y posibles nuevas especies que causen la enfermedad de Carrión analizamos muestras de sangre de pacientes de Ancash, Cajamarca y Lima usando técnicas de biología molecular. **Metodología:** Muestras de sangre colectadas de 20 pacientes infectados con *B. bacilliformis* fueron cultivadas en agar Columbia suplementado con sangre de oveja. Una vez el diagnóstico fue confirmado, realizamos una PCR/FRLP para analizar el gen citrato sintasa (*gltA*). La digestión de productos de PCR fueron hechos usando *TagI* y *HinfL* y las muestras fueron luego analizadas usando electroforesis en gel de agarosa. Sé utilizo secuenciamiento automático para confirmar las variaciones en los amplicones. **Resultados:** La evaluación molecular del gen *gltA* en los aislamientos clínicos indica que el gen actualmente pertenece al género *Bartonella.* La digestión con *TaqI* y *HinfI* y el estudio de las secuencias determinaron que la mayoría de los pacientes fueron infectados con *Bartonella baciliformis,* agente causal de la enfermedad de Carrión, y 2 aislados clínicos corresponden a otras especies del genero *Bartonella*. **Conclusiones:** El análisis molecular del gen *gltA* de aislados clínicos provenientes de Ancash, Cajamarca y Lima, confirmaron la presencia de *Bartonella baciliformis* y otras especies del genero *Bartonella* en pacientes infectados. Estos resultados deberían ser considerados para entender la epidemiología molecular y evolucionaria de la enfermedad de Carrión e inferir su impacto sobre la resistencia y su necesidad para diseñar nuevas drogas.

Palabras clave: *Bartonella*, gen *gltA*, enfermedad de Carrión, diseño de drogas, Perú.

RELACIÓN ENTRE LA MENTE, LA MATERIA Y EL PENSAMIENTO, CON LA MECÁNICA CUÁNTICA.

Rodríguez, C.[a] Rojas, R.[b] Martínez J.[c]
[a] *Escuela Profesional de Física, Universidad Nacional de Trujillo, Perú.* [b] *Departamento de Física, Universidad Nacional de Trujillo, Perú.* [c] *Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad del Rosario. Bogotá, Colombia.*
* *carlosrbfisica@gmail.com*

Resumen

Se aborda la relación mente-cerebro, desde la perspectiva de la física cuántica, para llegar a las funciones mentales más esenciales, la conciencia y el pensamiento. Las teorías que explican el mecanismo responsable de la conciencia en los seres humanos, aún está en sus inicios, aunque en un vertiginoso desarrollo. Siendo éste un campo idóneo para proponer nuevas teorías, con diferente grado de respaldo teórico y experimental. En los últimos años, se han expuesto diversos modelos que pretenden explicar el fenómeno de la conciencia con la utilización, como herramienta fundamental, de la mecánica cuántica (MC). Siendo así, se discuten las teorías de John Eccles, Dana Zohar y Roger Penrose, cuyo único punto en común es la utilización de la MC. Se introducen algunos conceptos y el funcionamiento de la mente y el cerebro, así como las leyes físicas de la MC. Se desarrollan las tres teorías, según las exponen sus autores, y se discute estas a la luz de los conocimientos actuales de la neurociencia. Posteriormente, hemos abordado ampliamente el Modelo Microtubular de Hameroff-Penrose, estando presente en el Microtúbulo la transmisión de las señales eléctricas, estudiadas a partir del modelo de la segunda cuantización. Finalmente, se concluye que si es posible estudiar la relación mente- cerebro y pensamiento, vista desde la mecánica cuántica, esto es, las leyes físicas explicarían cómo el cerebro programa y procesa la información para la interpretación y correspondiente toma de decisiones (coherencia neuronal), o para mantener el funcionamiento de los sistemas metabólicos esenciales, necesarios asegurar la supervivencia del ser humano.

Palabras claves: mente-cerebro, mecánica cuántica, microtúbulo, coherencia neuronal.

CARACTERIZACIÓN DE LAS CONDICIONES ÓPTIMAS EN LA OBTENCIÓN DE ANTÍGENOS EXCRETADOS – SECRETADOS DE *Plasmodium falciparum*

Saavedra-Langer, R.[1, 2,3*;] Vásquez M.[1, 2,3]; López, J.2; Pinedo-Cancino, V.[2, 3]
[1] *Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de la Amazonía Peruana (UNAP), Iquitos, Loreto, Perú.* [2] *Fundación para el Desarrollo Sostenible de la Amazonía Baja del Perú, UNAP, Iquitos, Loreto, Perú.* [3] *Centro de Investigaciones de Recursos Naturales de la Amazonía, UNAP, Iquitos, Loreto, Perú.*
**ra.fo2908@gmail.com*

Resumen

Malaria es prioridad en la agenda de la OMS, siendo prevalente en regiones tropicales del mundo y dentro del Perú, la región Loreto es la zona que sufre más estragos de esta parasitosis. El parásito *Plasmodium falciparum* (*Pf*) presenta una variación antigénica asociada a su membrana que contrarresta el sistema inmune del huésped, proteínas excretadas – secretadas son actores importantes de este proceso. En este estudio fueron analizados diversos parámetros (cinética de liberación antigénica, temperatura y concentración de parásito) que podrían influenciar la antigenicidad de los antígenos excretados – secretados (ESAs) liberados por formas asexuales intra-eritrocíticas de *Pf.* Las mejores condiciones en la obtención de ESAs se dieron con parasitemias del 20 % incubadas a 37 °C durante 24 horas en medio RPMI – 1640 suplementado con atmosfera de 5 % de CO2. La que al ser evaluada por ensayo de inmunoabsorción ligado a enzimas (ELISA) mostró positividad en valores de absorbancia para muestras de sueros de pacientes infectados con *Pf* , confirmado por microscopia (gota gruesa) y reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Este estudio muestra las condiciones óptimas en la obtención de ESAs – *Pf* para implementar su uso en la evaluación de la respuesta inmune humoral y celular de malaria, con énfasis en el estudio de casos asintomáticos de la enfermedad.

Palabras claves: *Plasmodium falciparum*, antígenos excretados – secretados, malaria, ELISA.

CARACTERIZACIÓN BIOINFORMÁTICA PRELIMINAR Y BÚSQUEDA DE HOMÓLOGOS DE LA PROTEÍNA MCR-I DE ENTEROBACTERIAS

Rodriguez, L.[1 *], Carrasco, M.[1], Sandoval, G.[1,2]
[1] *Grupo de Estudios en Bioinformática Estructural. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima 01, Perú.* [2] *Oficina de Investigación y Creatividad Intelectual. Universidad María Auxiliadora. Lima 36. Perú.*
* *luisantonio8509@gmail.com*

Resumen

El gen MCR-I codifica una proteína importante en la resistencia al antibiótico colistina, último recurso en el tratamiento contra bacterias multidrogoresistentes. Si bien este gen había sido reportado sólo a nivel cromosómico, recientemente, se pudo encontrar en plásmidos de cepas de *E. coli* provenientes de China, convirtiéndola en un peligro para la Salud Pública a nivel mundial. Por esta razón, en el presente estudio se buscó proteínas homólogas a la MCR-I de enterobacterias (EntMCR-I) en otras especies bacterianas a fin de evaluar su grado de similitud.

Utilizando la secuencia de EntMCR-I, se obtuvieron 22 secuencias empleando BLASTp, que se editaron y alinearon en CLUSTAL OMEGA. Los modelos de sustitución fueron generados usando MODELGENERATOR_v_851 y se elaboró un árbol ML en PhyML. Se seleccionó la secuencia de EntMCR-I y otros 4 homólogos y se predijo parámetros bioquímicos y la estructura secundaria con ProtParamTool y PHD**.** Finalmente se obtuvieron las estructuras de estas secuencias usando los servidores SWISS-MODEL, Phyre2 y Robetta. Se encontró que la proteína KpMCR-I de *Klebsiella pneumoniae* tiene una conformación similar a EntMCR-I, a diferencia de los otros homólogos que presentaron menor similitud, lo que coincide con la filogenia. Se encontró que la proporción de hélices y láminas son similares entre EcpMCR-I y KpMCR-I, además del pI, índice alifático y proporciones de aminoácidos. Las otras secuencias analizadas comparten características entre ellos. El molde por homología más idóneo para las proteínas fue el homodímero 5K4P (Dominio catalítico de la MCR-I), en caso de la KpMCR-I se obtuvo un valor de QMEAN (que indica la precisión del modelamiento) de -0.26; en cambio, las otras secuencias generaron modelos de menor calidad, si bien aceptables dentro del umbral mínimo. Por ello, la KpMCR-I posee características similares con la EcpMCR-I, las cuales podrían estar relacionadas con la resistencia a colistina.

Palabras clave: Colistina, resistencia, MCR-1, modelamiento.

ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA DE ACTINOBACTERIAS AISLADAS DE "HORMIGAS" (TRIBU ATTINI); SOBRE EL GÉNERO *Candida*

Gutierrez C. [1*], León J. [1]
[1] *Laboratorio de Ecología Microbiana, Facultad de Ciencias Biológicas – Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.*
** cindy.abigailg@gmail.com*

Resumen

En los últimos 20 años se ha observado un aumento progresivo de infecciones invasoras y sistémicas por hongos; donde las levaduras del género *Candida* son los principales agentes asociados a estos cuadros y al formar parte de la microbiota del hombre son considerados patógenos oportunistas. Por otra parte, es ampliamente conocido que las Actinobacterias producen una gran diversidad de metabolitos, entre los que pueden encontrarse los antifúngicos. Por tanto, el objetivo del presente trabajo fue aislar Actinobacterias a partir de hormigas "cortadoras de hojas" y determinar su actividad antifúngica frente a levaduras del género *Candida*. Se procesaron hormigas procedentes de la Selva Central para aislar Actinobacterias mediante cultivos convencionales de laboratorio. Las cepas aisladas fueron enfrentadas mediante la técnica de bicapa a *Candida tropicalis* ATCC 7206, *C. albicans* ATCC 7516, *C. parapsilosis* ATCC 7307, *C. albicans* ATCC 98028 y *C. albicans* ATCC 10231. Sobre la base de los resultados se seleccionaron aquellas cepas con mayor actividad antagonista para obtener extractos orgánicos con acetato de etilo y diclorometano y determinar así su Concentración mínima inhibitoria(CMI).Se logró aislar un total de 40 Actinobacterias identificadas por sus características macroscópicas y microscópicas, de las cuales el 67 % presentaron antagonismo a *C. tropicalis* ATCC 7206, 63 % a *C. albicans* ATCC 7516, 60 % a *C. parapsilosis* ATCC 7307, 53 % a *C. albicans* ATCC 98028 y el 50 % frente a *C. albicans* ATCC 10231. El extracto crudo obtenido con diclorometano de la cepa HAA-17 presentó la CMI de 3.5 mg/ml frente a *C. albicans* ATCC 10231 y *C. parapsilosis* ATCC 7307. Las Actinobacterias con mayor actividad se identificaron como miembros del género *Streptomyces*. Los Actinobacterias asociados a hormigas cortadoras de hojas son consideradas una fuente para la obtención de nuevas sustancias antifúngicas, confirmando la potencialidad de producir compuestos bioactivos de interés biotecnológico.

Palabras clave: Actinobacterias, hormigas, *Candida*, antagonismo.

ELISA (Enzyme Linked Inmunosorbent Assay) CON ANTÍGENO CRUDO PARA EL DIAGNÓSTICO DE INFECCIÓN POR *AMPHIMERUS* SPP. TREMATODO DE VÍAS BILIARES EN PACIENTES ECUATORIANOS

Nipaz V.[1 *], Cevallos W.[1], Calvopiña M.[1], Guevara A.[1]
[1] *Centro de Biomedicina, Carrera de Medicina, Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador.*
* *vickyvnipaz@gmail.com*

Resumen

El parásito *Amphimerus* spp. es un tremátodo hepático que habitualmente infecta mamíferos domésticos, la infección en humanos no se ha evidenciado hasta recientes hallazgos en Ecuador (Calvopiña et al. 2011) en el cual se describe la infección en una población humana al norte de la provincia de Esmeraldas, con hábitos alimenticios relacionados a ingesta de peces crudos o mal cocidos. La patología de la infección humana por *Amphimerus* spp. y la respuesta inmunológica del huésped humano hacia el parásito son desconocidas. Consideramos que el tremátodo vive libremente en las vías biliares, asumimos que debe existir una repuesta inmunológica desarrollada. En la actualidad el diagnóstico de esta infección se basa en la observación microscópica de los huevos en las heces, pero este examen presenta una sensibilidad variable. Se necesitan métodos de diagnóstico más sensibles y específicos para determinar la infección por este trematodo es por ello que el objetivo de esta investigación fue desarrollar el ELISA utilizando el antígeno total de *Amphimerus* spp. La importancia de implementar un método diagnóstico para la infección causada por el parásito *Amphimerus* spp. está respaldada por la alta prevalencia de infección en otras provincias del país. Con el objeto de desarrollar y estandarizar el método imnunoenzimático (ELISA) como método de diagnóstico para la infección por el parasito trematodo *Amphimerus* spp, se estableció un protocolo para la extracción de parásitos adultos de *Amphimerus* spp a partir de hígado de gato infectado de una zona endémica para la obtención de un antígeno crudo total y desarrollar la técnica ELISA,se determinó que la técnica ELISA tiene una sensibilidad de 94% en cuanto a la especificidad se determinó un 86% empleado al diagnóstico del parasito trematodo *Amphimerus* spp.

Palabras clave: Técnica ELISA, *Amphimerus* spp. Ecuador.

PERIODO DE EXCRECIÓN DE SAPOVIRUS EN UNA COHORTE DE NIÑOS MENORES A DOS AÑOS DE EDAD PERTENECIENTE A UNA COMUNIDAD PERUANA

Noelia S. Coronado[1], Gerardo J. Sánchez[1], Karen Neira[1], Mayra R. Ochoa[1], Macarena Vittet[1], Jorge M. Fernández[1], Alexandra Prado[1], María C. Villegas[1]; Maria F. Senosaín, Claudina Sancho[1], Sarah B. Ballard[2], Robert H. Gilman[1,2]; Mayuko Saito[3], Holger Mayta[1,2].

[1]*Infectious Diseases Research Laboratory, Department of Cellular and Molecular Sciences, Universidad Peruana Cayetano Heredia.* [2] *Department of International Health, Johns Hopkins Bloomberg School of Public Health.*[3]*Department of Virology, Tohoku University Graduate School of Medicine, Sendai.*

Resumen

Sapovirus humana está entre los enteropatógenos que se sabe causan diarrea aguda infantil y que está ganando importancia en todo el mundo por su presencia endémica en países en vías de desarrollo después de la introducción de la vacuna contra Rotavirus. Su transmisión depende de la ingesta oral del virus depositado en el ambiente por sujetos infectados. Sin embargo, poco se sabe sobre el período de excreción de Sapovirus debido a la falta de cultivos y modelos animales. Este estudio es importante para proponer intervenciones eficaces con el fin reducir la exposición ambiental y la tasa de infección. El objetivo de este estudio fue estimar el período de excreción de Sapovirus en una cohorte de recién nacidos seguidos durante un período de 24 meses en una comunidad peri-urbana de Perú. La detección de Sapovirus se realizó mediante PCR en tiempo real. El período de excreción viral se estimó mediante el análisis de muestras adicionales recogidos antes y después de las 55 muestras índice positivas (n = 450). La genotipificación se realizó mediante PCR convencional y secuenciación de la región del gen de la cápside parcial. El periodo de excreción media fue de 18 días para el genogrupo GI (n = 31); 19 días para el genogrupo GII (n = 22); 15 días para el genogrupo GIV (n = 7); y 23 días para el genogrupo GV (n = 4). La infección por Sapovirus, en niños que viven en una comunidad peruana, muestra un período de excreción media de dos semanas. Estos datos deben tenerse en cuenta en la vigilancia y dirección de las medidas de control para enfermedades diarreicas en el país.

Palabras clave: sapovirus, diarrea infantil, gastroenteritis, excreción viral.

DETERMINACIÓN DE LA IMPORTANCIA DE NOP17 EN EL MONTAJE DEL COMPLEJO ASOCIADO A LA PROTEÍNA DRE2 EN *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

Orellana Peralta F[1] & Oliveira C[1].
[1] *Instituto de Química, Departamento de Bioquímica, Universidad São Paulo. São Paulo, Brasil.*
**forellanaperalta@gmail.com*

Resumen

La biogénesis de ribosomas es un proceso altamente complejo y extenso que ocurre en el nucléolo, nucleoplasma y citoplasma de las células eucarióticas. Este proceso comprende el procesamiento de los pre-rRNAs y la maduración de las subunidades ribosomales, involucrando un gran número de factores proteicos y complejos de ribonucleoproteínas.

Las proteínas responsables en el procesamiento de rRNA (aproximadamente 200) incluyen helicasas, RNasas, chaperonas, proteínas ribosomales, proteínas de transporte y proteínas que contienen grupos Fe/S. Dentro de las ribonucleoproteínas, los snoRNPs de box C/D, presentan un papel esencial en la modificación y procesamiento de los pre-rRNAs.

Nop17 es una proteína necesaria para la maduración de los snoRNPs de box C/D durante la biogénesis de los ribosomas, e interactúa con otras proteínas envueltas en el procesamiento de rRNA. Dre2 es una de las proteínas que interactúa con Nop17 y contiene un *cluster* Fe/S, que ha sido implicada en el montaje extramitocondrial de clusters Fe/S. Estudios previos mostraron que la ausencia de Dre2 origina una disminución en la concentración de los ribosomas maduros y la acumulación de pre-RNAs en el núcleo. En el presente estudio se identificó los domínios importantes para la interacción directa de Dre2 y Nop17 a través de la técnica de *pull-down* de proteínas. Como se tiene demostrado Dre2 transfiere *clusters* Fe/S para algunas proteínas, por tanto se puede pensar que Dre2 interactúa con Nop17 para transferirle el cluster Fe/S a Nop17 y así contribuir al funcionamiento en las etapas del procesamiento de rRNA. Esta hipótesis está siendo ahora testada.

Palabras claves: Procesamiento de rRNA, snoRNPs de box C/D, Dre2, Nop17.

COMPARACIÓN DE LAS TÉCNICAS DE SECUENCIAMIENTO Y ELECTROFORESIS CAPILAR - QIAXCEL PARA MARCADORES MICROSATÉLITES DE VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Taenia solium*.

Pajuelo M.[1*], Roncal E.[1], Quiñones S[1]., Sheen P.[1], García, H.[2], Gillman R.[3], Zimic M.[1]
[1] *Laboratorio de Bioinformática y Biología Molecular. Facultad de Ciencias y Filosofía. Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú.* [2] *Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias y Filosofía. Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú.*
[3] *Johns Hopkins Bloomberg School of Public Health, Baltimore, EEUU.*
* *mjpajuelo@gmail.com*

Resumen

La cisticercosis es una enfermedad zoonótica endémica que afecta tanto a humanos como a cerdos a nivel mundial. En el Perú representa la principal zoonosis parasitaria en comunidades rurales debido a la existencia de factores que favorecen la presencia, transmisión y mantenimiento de la enfermedad, asociados a crianza de cerdos, malas condiciones sanitarias e higiénicas, y pobreza. Aunque la variación genética de *Taenia solium* no ha sido completamente descrita, es importante para determinar la transmisión y otras características epidemiológicas de esta enfermedad. Además el estudio de las variantes genéticas puede ayudar a entender la biología del parásito. Recientemente se identificaron marcadores microsatélites con posible utilidad para el estudio de la diversidad genética de *T. solium*. Estos microsatélites tienen repeticiones de 2 y 3 pares de bases. Como parte del estudio de genotipificación de *T. solium*, se extrajo el ADN genómico de cisticercos de cerdos infectados naturalmente y experimentalmente. Se purificó el ADN y se amplificaron los microsatélites usando la técnica de PCR utilizando cebadores específicos. El análisis del polimorfismo se realizó inicialmente utilizando la electroforesis capilar en el equipo Qiaxcel, y posteriormente para confirmar los resultados, se realizó el secuenciamiento de los productos de PCR de un grupo de individuos. Como resultado, se encontró que los tamaños de banda dados por el equipo de electroforesis capilar presentan un error superior a 3 pares de bases, impidiendo el estudio preciso de la variabilidad genética utilizando marcadores microsatélites.

Palabras claves: Microsatélites, cisticercosis, *Taenia solium*, secuenciamiento.

EVALUACIÓN NEUROPROTECTORA DE 3 PLANTAS DE IMPORTANCIA MEDICINAL Y ALIMENTICIA EN CULTIVOS DE CÉLULAS HIPOCAMPALES, SIMULANDO UN MODELO IN VITRO DE ENFERMEDADES NEURODEGENERATIVAS

Marcelo A.[1], Riesco F.[2], Guillen I.[3], Bustamante S.[3], Pillaca G.[3], Robles S.[3]
[1] *Departamento de Biologia Celular y Genetica, UNMSM. Lima, Perú.* [2] *Laboratorio de Equipamiento Especializado, UNMSM. Lima, Perú.* [3] *Laboratorio de Bioquímica de toxinas naturales, UNMSM. Lima, Perú*

Resumen

El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar la capacidad neuroprotectora de 3 extractos hidroalcoholicos: *Phyllanthus niruri (PN), Phyllanthus acuminatus Vah*l (PA) y *Tagetes elliptica Sm* (TE), que según la bibliografía figuran como uso medicinal y alimenticia en diversas zonas del Perú, teniendo la importancia el estudio de estas plantas en el consumo y uso medicinal relacionándolos como agentes neruroprotectores de enfermedades neurodegenerativas (E**N)**. En estudios anteriores todas estas especies fueron caracterizadas fitoquímicamente, como también la medición de la capacidad antioxidante de cada especie. Basándonos en estos datos se realizó una prueba de simulación de neuroprotección de estas plantas en cultivos hipocampales, teniendo como agente toxico al glutamato, con el fundamento en el cual la estimulación excesiva de los receptores glutamatérgicos pueden causar la muerte celular mediante una alteración citoesqueletica que se asemeja a la degeneración neurofibrilar características de las EN. La prueba consistió en evaluar los extractos totales junto con las fracciones del extracto de *Phyllanthus niruri,* obtenidas en cromatografías de capa fina en Silica Gel y HPLC, en cultivos de células hipocampales a partir de embriones de rata Sprague-Dawley utilizando como agente toxico al glutamato. Mediante la prueba de ensayo del XTT se midió la viabilidad celular de cada extracto y fracción, relacionándolo con la capacidad neuroprotectora y antioxidante de cada una de ellas. Los resultados obtenidos de extractos totales manifiestan que entre las 3 plantas, *Phyllanthus niruri (PN)* y *Tagetes elliptica* presuntivamente podrían tener mayor capacidad neuroprotectora, lo cual para el caso de *Phyllanthus niruri* este podría estar relacionado con su capacidad antioxidante, en tanto a las fracciones obtenidas de *Phyllanthus niruri,* no se obtuvieron datos concluyentes ya que faltarían realizar mayores ensayos al igual que con los extractos totales.

Palabras clave: Enfermedades neurodegenerativas, glutamato, neuropropector

DESARROLLO "*IN SILICO*" DE MARCADORES MOLECULARES MICROSATELITES PARA *Vultur gryphus (Family Cathartidae)*

Ore D.[1]*, Ardiles M.[1], García M.[1], Huamantalla M.[1], Mantilla J.[1], Tapia S.[1], Villarreal S.[1]
[1] *Facultad de Ciencias Biológicas - Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú*
**daniel.ore@unmsm.edu.pe*

Resumen

Dentro de la familia Cathartidae, se halla una especie emblemática "el cóndor andino, una de las aves de mayor envergadura del planeta, con una amplia distribución en la región andina de Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia y Chile, sin embargo presenta poblaciones reducidas. Son pocos los estudios realizados a nivel de genética de la conservación, siendo una de las causas la falta de marcadores moleculares, especialmente microsatélites, que permitan evaluar su diversidad genética. Nuestro objetivo es identificar regiones microsatélites que sean conservadas entre especies pertenecientes a la familia Cathartidae (buitres americanos), con potencial uso en *Vultur gryphus*. Se recolecto del NCBI 972 secuencias microsatélites en Cathartidae, usando la herramienta BLASTn (megablast) se seleccionaron 710 secuencias microsatélites (regiones flanqueantes y motivo repetitivo) pertenecientes a G*ymnogyps californianus* y *Coragyps atratus* las cuales poseen identidades entre 85 – 98% respecto al genoma de referencia *Cathartes aura* (ASM69994v1 GenBank assembly [GCA_000699945.1]). De estas se filtraron solo aquellas con una cobertura entre el 90% y 100%, las cuales fueron clasificadas según el motivo repetitivo que poseían usando la herramienta online WEBSAT en di – tri – tetra y pentanucleótidos. Se seleccionaron motivos tetranucleótidos como marcadores candidatos para el diseño de cebadores de PCR en las regiones flanqueantes las cuales muestran alto grado de conservación entre dos especies. Finalmente se proponen 10 marcadores universales para ser empleados en especies de la familia Cathartidae, dentro de la cual se halla *Vultur gryphus*.

Palabras claves: Microsatélites, *Vultur gryphus*, *Gymnogyps californianus, Cathartes aura.*

WESTERN BLOT PARA LA EVALUACIÓN DE EXOANTÍGENOS DE *Plasmodium falciparum*

Vásquez M.E.[1,2,3*], Saavedra-Langer R.[1,2,3], Marapara J.[1,3], Pinedo-Cancino V.[2,3]
[1]*Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de la Amazonía Peruana (UNAP).* [2]*Fundación para el Desarrollo Sostenible de la Amazonía Baja del Perú, UNAP.* [3]*Centro de Investigaciones de Recursos Naturales de la Amazonía, CIRNA-UNAP.*
**vmariaesteyner@hotmail.com*

Resumen

Malaria por *Plasmodium falciparum* presenta una alta variabilidad genética y proteínas antigénicas o exoantígenos que le brindan los mecanismos necesarios para evadir el sistema inmune. Los estudios requieren del aislamiento de células sanguíneas infectadas para comprender el dinamismo de esta infección. En los cultivos *in vitro* se busca explorar y experimentar nuevas alternativas que proporcionen información para controlar y prevenir esta infección. En este estudio se trabajó con cultivos de *P. falciparum* cepa 3D7, se sincronizó utilizando gradiente de Percoll (65% y 35%) y D-Sorbitol, para obtener 90% de parásitos en el mismo estadío. Para la obtención de los exoantígenos, se incubó y colectó con Medio de cultivo, libre de Albumax. Se evaluó los siguientes parámetros: Temperatura (T°), estadío (Anillo y Trofozoito), Hematocrito (Htc) y Parasitemia (P). Se realizó electroforesis desnaturalizante en SDS-PAGE, y mediante inmunoblot se evaluó 3 concentraciones de un pool de suero positivo a *P. falciparum,* (1:50, 1:100 y 1:150). La extracción o colecta de exoantígenos: Estadío Anillos (T°= 37° C, Htc.= 20% y P= 20%), Estadío Trofozoitos (T°=37°C, Htc.= 15% y P= 20%), son las que reaccionaron mejor frente a un pool de suero positivo de 1:100, a malaria por *P. falciparum*. Presentaron bandas antigénicas cuto peso molecular oscila entre 250-150 kD, 75-50kD y 37-25kD. La extracción de exoantígenos es mejor con parasitemias de 20% y Hematocritos entre 15-20% a temperaturas de 37°C. Este estudio muestra que los exoantígenos evaluados por Western Blot, permiten identificar la respuesta inmune humoral a esta infección, el cual puede ser implementado para estudiar la respuesta inmune de los casos asintomáticos de malaria por *P. falciparum*.

Palabras clave: exoantígenos, *Plasmodium falciparum*, Western Blot.

MARCADORES MICROSATELITES ASOCIADOS A GENES CON POTENCIAL USO EN *Arapaima gigas* "PAICHE"

Supo R. [1], Cubas D., Caballero M., Otarola F., Retuerto R., Sheen A., Oré, D.
Facultad de Ciencias Biológicas - Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú
[1] *rydberg.supo@unmsm.edu.pe*

Resumen

La familia Osteoglossidae ("arawanas"), contiene 4 géneros de peces de agua dulce (Osteoglossum, Arapaima, Scleropages y Heterotis). El genoma de *Scleropages formosus* ha sido secuenciado y se halla disponible en el NCBI. Las especies de esta familia suelen habitar en aguas cálidas del norte de América del Sur, Australia y Sudeste de Asia. El género *Arapaima* habita en la cuenca del río Amazonas, junto a la especie *Osteoglossum bicirrhosum*. Comúnmente conocidos como "paiche" (*Arapaima gigas*) y "arawana plateada" (*Osteoglossum bicirrhosum*) son especies muy populares y de importancia económica. *Arapaima gigas* es una de las especies comerciales más explotadas en la Amazonía peruana, además fue incluida en el Apéndice II de las normas CITES en 1975, a diferencia de la arawana plateada. Debido a que actualmente, las investigaciones se centran en la variabilidad de los microsatélites como marcadores se accedió a la base de datos de microsatélites de esta familia en el NCBI, obteniendo un total de 439 secuencias con las que se aplicó al algoritmo MEGABLAST usando el genoma de *Scleropages formosus* (Genome ASM162426v1) como referencia, de modo que se obtuvieron 10 secuencias con identidades entre 80% – 95%, de las cuales 7 presentan alto grado de conservación de secuencia en las regiones flanqueantes. Finalmente se ha logrado posicionar/asociar los 7 marcadores microsatélites, a genes mediante la herramienta BLAST (Database: Reference ARNm).

Palabras claves: Microsatélites, Genes Asociados, *Arapaima gigas, Scleropages formosus.*

VICARIANZA Y DIVERSIFICACIÓN EN NEOCYCLOTIDAE (GASTROPODA) DEL NORTE DEL PERÚ

Ramírez, Rina[1,2]; Morín, Jaime[1]; Solís, María[1]; Aguirre, Paola[1]; Cubas, Diana[1]; Bendezú, Stacy[1]; Shiga, Betty[1].
[1] *Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos,*
[2]*Museo de Historia Natural, UNMSM.*

Resumen

A fin de evaluar la estructuración genética de una especie vicariante, se eligió a *Calaperostoma chanchapoyasense* (Gastropoda, Neocyclotidae), la que sería contrastada con otras dos especie de su familia, usando como grupo externo a la familia Helicinidae, procedentes de Cajamarca, Amazonas y San Martín. Se realizó la extracción de ADN genómico a partir de 1 mm3 de pie del caracol con el kit *Mollusc* DNA de Omega Bio-Tek. Se amplificó por PCR los marcadores mitocondriales 16S rRNA y COI, y el nuclear ITS. Los amplicones fueron visualizados por electroforesis en gel de agarosa 1%. Fueron secuenciadas ambas hebras en Macrogen. Las secuencias fueron editadas con Chromas y las secuencias consenso fueron obtenidas con CAP3; el alineamiento múltiple fue llevado a cabo con CLUSTALX. Se evaluaron las distancias genéticas con Mega y las relaciones evolutivas con Neighbor-Joining (Mega) e Inferencia Bayesiana (MrBayes). En cuanto a la distribución geográfica de *Calaperostoma chanchapoyasense*, es mencionada como originaria de Chanchamayo, pero nosotros la encontramos solo en Cajamarca y Amazonas, por lo que asumimos que es un mal entendido de Chachapoyas por Chanchamayo, debido al nombre específico "*chanchapoyasense"*. De los tres marcadores moleculares utilizados, solo el 16S rRNA fue amplificado en el 100% de los especímenes trabajados (49), seguido por el COI, y por último el ITS, el que además fue de muy difícil secuenciamiento. Las secuencias fueron únicas por especie y conformaron grupos monofiléticos. La distancia genética intraespecífica en *C. chanchapoyasense* fue considerablemente mayor a las de *Aperostoma* y *Helicina*, y casi tan amplia como las distancias interespecíficas. La barrera geográfica conformada por el Marañón claramente marca la divergencia, y es posible que las poblaciones vicariantes de *C. chanchapoyasense* constituyan dos especies hermanas, por lo que es necesario un análisis morfológico minucioso en busca de posibles caracteres diagnósticos.

Palabras claves: Moluscos terrestres; Caenograstropoda; 16S rRNA; COI; ITS

Fuente de financiamiento: UNMSM-VRI CON-CON Cód. Nº 141001031, Cód. Nº 151001021; UNMSM-Rectorado Proyecto Especial 2015.

SECUENCIACIÓN DEL GENOMA DE *LEPTOSPIRA* PERMITIÓ SU ANÁLISIS COMPARATIVO Y LA CARACTERIZACIÓN POR TIPIFICACIÓN MULTILOCUS DE SECUENCIAS (MLST)

Ramírez M[1], Villar S.[1], Céspedes M.[1]
[1] *Instituto Nacional de Salud – Sede Chorrillos, Lima, Perú*
[*] *manu.rami.3180@gmail.com*

Resumen

El objetivo del presente trabajo es comprender la diversidad genética mediante análisis de genómica comparativa y la identificación de marcadores MLST, para la caracterización de los genomas de *Leptospira* con el uso de diversas herramientas bioinformáticas. Para lo cual, se secuenciaron 72 genomas de *Leptospira* por tecnología de secuenciamiento Illumina-MiSeq y se secuenciaron mediante la estrategia de ensamblaje por De Novo con el uso del programa a5-MiSeq. El cual consiste en ensamblar los archivos (lecturas o reads) pareados (Forward y Reverse) para la obtención de los contigs. Luego se realizó el reordenamiento físico de los contigs producidos mediante diversos alineamientos entre los contigs de cada muestra y el genoma de referencia L. insterrogans serovar Lai str. 56601 (NC_004342), esto se llevó a cabo mediante el programa MAUVE. Para la anotación, obtención de las secuencias codificantes y de proteínas de cada una de las muestras se utilizó los contigs reordenados, se utilizó el programa Prokka. Adicionalmente, se realizó el mapeo de las lecturas o reads contra los genes glmU, merA, caiB, pntA, sucA, tpiA y pfkB, reconocidos como marcadores MLST. Para ello se utilizó la combinación de programas, Bowtie2 y SAMtools. Entre los resultados tenemos, entre las 72 muestras secuenciadas, el genoma secuenciado con mayor tamaño fue de 4.45 Mb (3.83 – 4.93 Mb), promedio de 262 contigs por muestra, un valor N50 máximo de 353767, cobertura promedio de 95X y un rango de %GC de 34.9% a 44.5%. Una vez obtenido el reordenamiento físico y orientación de los contigs en función del referente, el análisis de anotación dio como resultados un promedio de 3287 proteínas por muestra, 124 genes parciales y en promedio 164 genes hipotéticos. Identificados los perfiles de los alelos (glmU, merA, caiB, pntA, sucA, tpiA y pfkB) se procedió a la identificación de los valores de ST (sequence type) los cuales dieron como resultado la identificación de 39 L. Interrogans con serovariedades de Copenhageni, 1 L. kirscheneri serovar Cynopteri, 17 L. santarosai serovar badudieri 11 L. noguchii y 2 Leptospiras de serovariedad desconocida. Este trabajo nos permitió conocer la estructura genómica, la caracterización de las diferentes muestras de *Leptospira* obtenidas por el Instituto Nacional de Salud. Dando como conclusión que la aplicación de la secuenciación de segunda y/o tercera ofrece la oportunidad de generar data con alta resolución, haciendo posible la identificación de los cambios en las bases nucleotídicas, dentro de todo un genoma o parte de él. Permitiendo evidenciar las relaciones evolutivas de múltiples muestras.

PRODUCCION DE PSEUDO PARTICULAS VIRALES DE SAPOVIRUS GI Y GV BASADO EN LA EXPRESION DE LA PROTEINA VP1 MEDIANTE EL SISTEMA DE BACULOVIRUS

Jorge M. Fernandez[1], Gerardo J. Sanchez[1], Mayra R. Ochoa[1], Alexandra Prado[1], Maria C. Villegas[1], Macarena D. Vittet[1], Noelia S. Coronado[1], Claudina Sancho[1], Karen S. Neyra[1], Robert H. Gilman[1,2], Holger Mayta[1,2].
[1]*Infectious Diseases Research Laboratory, Department of Cellular and Molecular Sciences, Universidad Peruana Cayetano Heredia;* [2]*Department of International Health, Johns Hopins Bloomberg School of Public Health.*

Resumen

Sapovirus es un agente causante de gastroenteritis a nivel mundial. Actualmente, los Sapovirus humanos son clasificados en 4 Genogrupos (GI, GII, GIV, GV) basado en la secuencia codificante de la proteína mayor de cápside VP1. Estudios epidemiológicos han mostrado diferentes niveles en la prevalencia de Sapovirus en función de genogrupos. Sin embargo, la mayoría de epidemias y casos esporádicos de gastroenteritis aguda es causada por Sapovirus GI, además, estudios de seroprevalencia demuestran la presencia de anticuerpos en el 80% al 100% de los individuos analizados. Debido a la falta de cultivo celular, la producción de Pseudo-Particulas Virales (virus-like particles) han sido establecido como antígenos eficaces en la producción de vacunas y detección de anticuerpos para análisis de seroprevalencia. Por ello, el siguiente proyecto tiene como objetivo la producción de pseudo-partículas virales de Sapovirus GI y GV aislados en Perú, basado en la expresión de la proteína de cápside VP1 mediante el sistema de baculovirus, conduciendo a estudios de seroprevalencia y desarrollo de métodos de diagnóstico inmunológicos en el País, en base a la detección de anticuerpos IgG e IgM en suero e IgA en muestras de saliva y heces. En este estudio, se ha amplificado la región codificante de la proteína VP1 pudiendo ser ensamblada en el genoma de baculovirus, construyendo un bacmido recombinante para la expresión de pseudo-particulas virales.

EVALUACIÓN DE LA TÉCNICA DE ANÁLISIS DE ALTA RESOLUCIÓN DE FUSIÓN PARA LA DETECCIÓN Y GENOTIPIFICACIÓN DE NOROVIRUS GII HUMANOS A PARTIR DE MUESTRAS DE HECES

[1]María C. Villegas, [1]Alexandra Prado,[1]Gerardo J. Sánchez, [1]Jorge M. Fernández; [1]Mayra R. Ochoa, [1]Macarena D. Vittet, [1]Alexandra Prado, [1]Maria F. Senosain, [1]Claudina Sancho,[2,3] Mayuko Saito, [2]Sarah B. Ballard, [1,2]Robert H. Gilman; [1,2]Holger Mayta

[1]*Infectious Diseases Research Laboratory, Department of Cellular and Molecular Sciences, Universidad Peruana Cayetano Heredia.* [2]*Department of International Health, Johns Hopkins Bloomberg School of Public Health.* [3]*Department of Virology, Tooku University Graduate School of Medicine, Sendai.*

Resumen

Norovirus es la causa más común de gastroenteritis aguda causada por un agente no bacteriano tanto en niños como adultos en países desarrollados. Norovirus afecta a la mayoría de niños a partir de una edad muy temprana, presenta una alta tasa de hospitalizaciones y es responsable de unas 200 000 muertes en niños cada año en países en vías de desarrollo. Norovirus GII.4 es el genotipo más prevalente y es responsable del 70% de brotes de gastroenteritis en el mundo.

En Perú, a partir de la implementación de la vacuna contra Rotavirus, Norovirus se ha convertido en la causa más importante de gastroenteritis en niños. Un estudio conducido en la cohorte de niños peruanos mostró los genotipos GII.4, GII.6 and GII.3 como los genotipos más prevalentes entre la población. La identificación y tipificación de Norovirus ha dependido siempre de la amplificación y secuenciamiento de diferentes regiones del genoma, lo cual consume tiempo, presenta un elevado costo y no se encuentra disponible en laboratorios clínicos locales. El propósito de este estudio es estandarizar el uso de la técnica de análisis de alta resolución de fusión (HRM) para diferenciar los genotipos de Norovirus circulando localmente. Un grupo de muestras identificadas previamente por secuencia miento, fue analizado por HRM permitiendo identificar correctamente genotipos GII.4, GII.6 y GII.3 utilizando GII.17 como línea base. La técnica de análisis de alta resolución de fusión sería una alternativa más rápida y económica para el diagnóstico de Norovirus que el método convencional.

BIODIVERSIDAD DE MICROORGANISMOS CON POTENCIAL ENZIMÁTICO INDUSTRIAL AISLADOS DE COMPOST

Alcarraz M, Evangelio A, Díaz R, Guerrero J, Julián J.
Laboratorio de Bioprocesos Industriales. Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima Perú.
biomac_20@hotmail.com

Resumen

Las perspectivas de la enzimología industrial a corto y mediano plazo están influenciadas por el avance acelerado que está teniendo la biotecnología en este siglo. Estos avances deberán permitir mejorar la disponibilidad en volumen, en variedad de catalizadores y el desarrollo de enzimas hechos a la medida de las necesidades específicas de la industria. Es importante mencionar que en términos de la disponibilidad de catalizadores con nuevas o mejoradas actividades, las posibilidades son prometedoras, en efecto, menos del 3% de los microorganismos presentes sobre la Tierra han sido utilizados como fuentes de enzimas (FARIHA, 2006). El objetivo de la investigación fue evaluar la biodiversidad microbiana del compost, con capacidad de producción de enzimas de interés industrial; para lo cual se tomaron muestras de compost y se procedió al aislamiento de bacterias, actinomicetos y hongos filamentosos. Cada una de las cepas aisladas se sometió a medios de cultivo diseñados con una sola fuente de carbono para determinar su potencial enzimático, manifiesto por la formación de halos de degradación con o sin reveladores. Se investigaron las enzimas lipasas, proteasas, amilasas y celulasas en los medios de cultivo agar tributirina, agar caseína, agar almidón y agar celulosa respectivamente. El 80% de las bacterias aisladas resultaron lipolíticas; el 85% proteolíticas; el 57.5% amilolíticas y el 15% celulolíticas. El 33.3% de los hongos resultaron lipolíticos; El 26.6% proteolíticos; el 26.6% amilolíticos y el 13.3 celulolíticos. El 100% de actinomicetos resultaron lipolíticos; el 87.8% proteolíticos; el 84.8% amilolíticos y el 3% celulolíticos. Siendo la bacteria BC-1 la de mayor actividad lipolítica; la bacteria M1-B5 la de mayor actividad proteolítica; el actino AA-8 el de mayor capacidad amilolítica y las bacterias termófilas BTS-3 Y BTS-5 con mayor actividad celulolítica. Se concluye que el compost alberga una gran biodiversidad microbiana con capacidad enzimática de interés industrial.

MINICURSOS PRE - JORNADA

"DISEÑO Y OPERACIÓN DE BIORREACTORES"

OBJETIVO GENERAL:
Presentar conceptos y herramientas que orienten en la selección y diseño de los biorreactores tomando en consideración los factores más relevantes, asimismo conocer los diversos modos de operación que permitan obtener los más altos rendimientos de producción.

RESUMEN:
El presente minicurso pretende dar a conocer y brindar un soporte tanto teórico como práctico de la manipulación y diseño de los biorreactores. Los biorreactores son catalogados como el componente central del bioproceso, su función primaria es la de suministrar las condiciones ambientales adecuadas para el crecimiento y desarrollo de los organismos que en el son depositados. Durante el diseño de un biorreactor, una serie de factores como: cinética de proceso, balances térmicos, esterilización, fisiología del organismo, etc., deben ser considerados; mientras que el modo de operación se guía principalmente por las características del microrganismo, del producto de interés y del tipo de biorreactor. En este contexto, el diseño y la operación de biorreactores son considerados hitos importantes en el proceso de producción de los metabolitos de interés desde que el rendimiento y el costo se encuentran asociados íntimamente al proceso global. Considerando esto, en la primera sesión (teórica) se ofrecieron presentaciones orales donde se brindaron conocimientos básicos sobre la elección y diseño de un biorreactor; mientras en la segunda sesión (práctica) se dio a conocer aspectos importantes sobre la manipulación del equipo, en esta última parte los asistentes tuvieron la oportunidad de interactuar y montar un biorreactor de tanque agitado de 5L y aprendieron a determinar el coeficiente volumétrico de transferencia de oxígeno (k_La).

PONENTES:
- Mg. Luis Arturo Alejandro Paredes
- Mg. Omar Santiago Pillaca Pullo

ORGANIZADORES:
- Hamutay - Young Peruvian Scientists Network for Bioscience Research
- BIOCIFAR- Asociación Científica Farmacéutica de Biotecnología.
- Consulado General del Perú en São Paulo

DURACIÓN:
01 Sesión Teórica (4 horas académicas) y 01 Sesión Práctica (4 horas académicas)

"INTRODUCCIÓN A LA ONCOLOGÍA MOLECULAR"

OBJETIVO GENERAL:
Presentar y discutir a nivel molecular diversas condiciones relacionadas con el cáncer colonrrectal y de mama; también, analizar las herramientas y estrategias que se han utilizado en la detección de estas condiciones.

RESUMEN:
En las dos últimas décadas, se han hecho notables progresos en nuestra comprensión del cáncer y su etiología. Los conocimientos adquiridos de las alteraciones moleculares y genéticas de diversas condiciones clínicas han ayudado a refinar la terminología y clasificación de la enfermedad. Así, la capacidad de poder distinguir entre diferentes trastornos es clínicamente importante, dado que la aproximación del tratamiento y cuidados que se da a cada paciente difiere según los riesgos de cada tipo de cáncer. En este ámbito, estudios prospectivos y de nueva generación nos proporcionarán valiosa información clínica que lleve en cuenta la historia de esta enfermedad y nos permita diferenciarla; asimismo, guiar el diagnóstico y la gestión de condiciones heterogéneas. Actualmente, hemos entrado en la era genómica de la investigación del cáncer, la cual puede llevarnos a nuevas posibilidades de tratamiento. Así por ejemplo, a través de la secuenciación de nueva generación ha si posible mejorar de manera considerable la detección de variantes de ADN en el genoma de pacientes y desarrollar un tratamiento más personalizado de la enfermedad.

EXPOSITORES:

- **Constantino Domínguez Barrera**
  Médico Cirujano- Docente del Departamento Académico de Medicina Preventiva y Salud Publica. Facultad de Medicina "San Fernando" UNMSM
- **María del Carmen Mújica**
  Médico - Geneticista del Equipo Funcional de Genética y Biología Molecular, Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas, Lima, Perú.
- **Mev Domínguez Valentín**
  Investigadora del Departamento de Biología Tumoral - Instituto para la Investigación del Cáncer, Hospital de la Universidad de Oslo, Oslo, Noruega.
- **Rainer Marco López Lapa**
  Investigador del Departamento de Ciencias Biológicas – Universidad Estatal Paulista (UNESP), Sao Paulo, Brasil.
- **José Luis Buleje**
  Investigador de la Universidad San Martin, Lima-Perú.
- **Joseph Arturo Pinto Oblitas**
  Investigador de Oncosalud, Lima-Perú.

DURACIÓN:
Sesión teórica de 6.5 horas académicas.

"INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA: EN LA ERA DE LAS ÓMICAS"

OBJETIVO GENERAL:
Presentar de manera introductoria (teórica y práctica) a los participantes en la aplicación de la bioinformática, abordando los principales temas del área, y, en particular, preparar a los participantes para el desarrollo y análisis de proyectos de investigación que utilicen algunas de las herramientas bioinformáticas abordadas.

RESUMEN:
El mini curso fue estructurado en cuatro módulos. Cada módulo fue llevado a cabo por investigadores peruanos con experiencia en bioinformática. El primer módulo ofreció una breve introducción a la bioinformática, minería y bases de datos, alineamiento de secuencias, diseño de primers desde diversos abordajes, y la aplicación de estas herramientas para el diseño de pruebas moleculares. El segundo módulo, presentó una visión de la genómica, la comprensión de las tecnologías y terminologías actuales, ensamblaje de secuencias génicas, análisis comparativos y anotación de genomas. El tercer módulo incluyó el enfoque de la metagenómica, los distintos abordajes y herramientas, análisis de datos en lenguajes de programación compatibles con Linux, la integración de algoritmos, análisis estadísticos a la información obtenida, y como ejemplo metagenómica de un marcador molecular, para cuantificación y caracterización genética. Finalmente, durante el cuarto módulo, se abordó el área de la transcriptómica, basado en genética cuantitativa, utilizando a la molécula de RNA como base para el genotipado, cuantificación de expresión génica.

PONENTES:
- Genet. Ruy Chacón Villanueva (Módulo 1: Principios de Bioinformática)
- Genet. Manuel Ramírez Sáenz (Módulo 2: Genómica)
- Lic. Orson Mestanza Millones (Módulo 3: Metagenómica)
- Lic. Roberto Lozano González (Módulo 4: Transcriptómica)

ORGANIZADORES:
- Hamutay - Young Peruvian Scientists Network for Bioscience Research
- Consulado General del Perú en São Paulo

DURACIÓN:
Sesiones prácticas de 18 horas académicas

"PRINCIPIOS DE INGENIERÍA GENÉTICA Y ASPECTOS BIOTECNOLÓGICOS"

OBJETIVO GENERAL:
Esclarecer conceptos básicos y determinar herramientas biotecnológicas que puedan auxiliar en el entendimiento y aplicación de los aspectos genéticos, considerando un análisis crítico y relevante que ayuden a comprender los procesos biológicos que se encuentran regulados por los genes.

RESUMEN:
La biotecnología es un campo de la investigación que estudia las formas de utilizar organismos vivos, con el objetivo de solucionar problemas para la humanidad. Existe una corriente en este campo que se focaliza en una nueva realidad en la investigación, esta nueva corriente usa la manipulación del ADN. Se han usado herramientas para el uso de las informaciones genéticas para obtener resultados provechosos en diferentes áreas. Una de estas áreas es la de salud, de gran importancia para la perpetuación de la especie humana, entre las diferentes procesos biotecnológicos están la fabricación de vacunas hechas para una serie de enfermedades. Tanto en humanos como en animales la producción de vacunas fue la solución de problemas, que antes de estas descubiertas eran fatales. Por otro lado, entre los avances que la biotecnología ya proporciono, podemos mencionar la producción de antibióticos, vacunas y hormonas. En la agricultura, la descubierta de las plantas transgénicas, producción de pesticidas y fertilización modificada, además de la creación de plantas mas resistentes a plagas que necesitan menos agrotóxicos. Por las razones anteriormente mencionadas, es importante el conocimiento de las herramientas biotecnológicas aplicadas en el campo de la genética, que pueden ser de grande utilidad para el mejoramiento de vida en el planeta.

PONENTES:
- Mg. Ramses Salas Asencios
- Blga.Fiorela Sanchez
- Mg. Jose Miguel Acosta

ORGANIZADORES:
- Hamutay - Young Peruvian Scientists Network for Bioscience Research
- Consulado General del Perú en São Paulo

DURACIÓN:
Tres sesiones teóricas de 6 horas académicas

"HERRAMIENTAS *IN SILICO*: UN ABORDAJE EN MOLÉCULAS BIOACTIVAS"

OBJETIVO GENERAL:

Presentar conceptos y herramientas de biología estructural y química computacional (*in silico*) aplicadas al estudio de moléculas promisorias que puedan convertirse en candidatos a nuevos fármacos, o, que, a su vez, permitan un mejor entendimiento de los procesos fisiopatológicos en dolencias relevantes en salud colectiva y pública.

RESUMEN:

El curso fue planeado en base a un problema de investigación a resolver, el cual fue contextualizado y sugerido para abordar por técnicas computacionales asemejándose al flujo de trabajo de un proyecto de investigación. Durante el primer día del minicurso se ofreció una serie de discusiones teóricas de las técnicas y herramientas a utilizar en la parte práctica, así como el planteamiento del problema.

El sistema endocanabinoide es un sistema fascinante de estudio por la interacción con los receptores del neurotransmisor glutamato. La posibilidad de que exocanabinoides, como los derivados del Cannabis spp., puedan presentar una actividad agonista frente a los receptores ionótropicos de glutamato (NMDAr) y compitan con ligandos naturales, se presenta como el principal problema a resolver. Con el objetivo de acercarnos a una propiedad terapéutica de la marihuana y entender un poco más de los procesos fisiológicos del glutamato, la sesión práctica durante el segundo día abordó secuencialmente: (i) El uso de base de datos para obtención de proteínas (UniProt y PDB) y ligandos (Zinc Docking); (ii) Servidores web u en línea para modelamiento por homología de candidatos proteicos del receptor NMDA; (iii) Refinamiento de las proteínas (Dinámica molecular vía Lammps) y ligandos (Vía mecánica cuántica en Orca y Avogadro); (iv) Docking molecular de la proteína y el ligando refinados previamente (Autodock/MGL); y (v) Visualización del producto de docking (PyMOL). Finalmente, el minicurso buscó integración y acercamiento entre los instructores, participantes y asistentes de apoyo por medio de sesiones iniciales de discusiones de grupo.

PONENTES:

- Bach. Karim Salazar Salinas
- Bach. David William Chaupis Meza
- Q.F. Hugo Jesús Valdivia Olarte
- Mg. Jesús Alvarado Huayhuaz
- Bach. Sair Chavez Pachecho
- Bach. Brayan Campos Salazar

ORGANIZADORES:

- Hamutay - Young Peruvian Scientists Network For Bioscience Research
- Consulado General del Perú en Sã

DURACIÓN:

- Sesiones teórico-prácticas de 16 horas académicas.

Auspiciadores:

Patrocinadores: