



XVII encuentro
Participación de la
Mujer
en la Ciencia



DISEÑO DE PRIMERS PARA EL ANÁLISIS DE LA METILACIÓN EN EL PROMOTOR DE ITGB1 Y LAMC1

Adriana Gervacio Lopez¹, José Ramón Miralrio Mendoza¹, Ernesto Terrero Bartolo¹, Edwin Ivan Comonfort Vargas¹, Manuel de Jesús Alanis Vargas¹, Ana Elvira Zacapala Gómez¹, Erick Genaro Salmerón Bárcenas² y Miguel Ángel Mendoza Catalán¹

1 Universidad Autónoma de Guerrero, 2 Centro de investigación y estudios avanzados del IPN, CINVESTAV, Zacatenco. adriana.gervacio23@gmail.com

Introducción: El cáncer de cuello uterino ocupa el tercer lugar a nivel mundial de incidencia, durante su desarrollo el estado de hipometilación e hipermetilación del DNA juegan un papel fundamental para la sobreexpresión o subexpresión de genes, respectivamente, la metilación puede ocurrir en promotores de genes que presentan CpG (1). **Objetivo:** Diseñar primers capaces de identificar cambios de metilación en los promotores de LAMC1 e ITGβ1. **Metodología:** Realizamos un análisis bioinformático y demostramos que LAMC1 presenta una isla CpG del nucleótido -762 al 1122 y contiene 1884 pares de bases, mientras que ITGβ1 presenta 1459 nucleótidos en su isla CpG, del nucleótido -573 al 886. Los primers para LAMC1 (fw: 5'-AGGTTTTTTTTGATTTTTTAGGGATC-3' y rev: 5'-GCGCCAATTAAACTACGAC-3') e ITGβ1 (fw: 5'-TTAGTAGGTTATATTAGGAACGCGC-3' y rev: 5'-CCGAAACTACGTTAAAACAATCG-3') fueron diseñados utilizando MethPrimer, las islas CpG de ambos genes se dividieron en 2 regiones (N-terminal y C-terminal). **Resultados:** mediante un análisis bioinformático se demostró que la región en la cual los primers fueron diseñados serían capaces de funcionar como biomarcadores pronóstico, debido a que se observa una hipometilación en esas regiones, datos que coinciden con los reportado con nuestro grupo de trabajo, donde los genes LAMC1 e ITGβ1 se encuentran sobreexpresados en cáncer cervical en comparación con pacientes normales. **Conclusiones:** Los análisis bioinformáticos permiten el diseño de herramientas que ayuden al pronóstico del desarrollo de cáncer cervical y a tener pertinencia económica en el diseño de primers y en experimentos. Varios primers han sido utilizados en el análisis de metilación, sin embargo, debido a que la isla de metilación es grande los resultados de metilación no habían coincidido con sus niveles de expresión, nuestros resultados demuestran que existe una relación entre el estado de metilación y la expresión de LAMC1 e ITGβ1.

1. Mesa, Barros PN y Medina. (2006). Metilación del ADN: marcador diagnóstico y pronóstico de cáncer. Gaceta Mexicana de Medicina; 142 (1): 81-82.