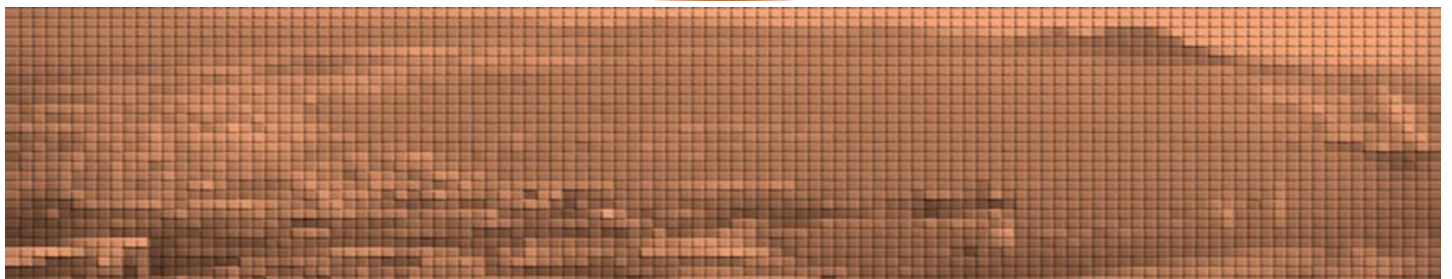




LIBRO DE RESÚMENES
XVIII CONGRESO NACIONAL DE
ESTUDIANTES DE BIOLOGÍA

Nuevo Chimbote, 3 al 8 de septiembre de 2017



LUGAR: UNIVERSIDAD NACIONAL DEL SANTA

NUEVO CHIMBOTE – PERÚ
2017



COMUNICACIONES ORALES

(Genética)

Análisis *in silico* de polimorfismos en genes relacionados al transporte y metabolismo de fármacos contra la tuberculosis en poblaciones latinoamericanas

Cortez Pacheco R., Oroya Lazo A., Suarez Poccorpachi M. y Oré Chávez D.*

Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú. rcortez95@hotmail.com

RESUMEN

El objetivo del presente estudio fue identificar los polimorfismos de nucleótido simple presentes en los genes NAT2, CYP2E1, SLCO1B1 y AADAC encargados del metabolismo de fármacos contra la tuberculosis en las poblaciones latinoamericanas de México, Colombia y Perú. Las secuencias de cada población fueron obtenidas de la base de datos “1000 Genomes”, con la cual se calcularon las frecuencias genotípicas y alélicas de cada polimorfismo y su efecto en la estructura primaria de la proteína (sustituciones aminoacídicas), las cuales son reportadas en este trabajo. NAT2 presentó 9 sustituciones, siendo c.803G<A (Arg268Lys) y c.341T<C (Ile114Thr) las más frecuentes en todas las poblaciones. AADAC presentó 7, siendo la más frecuente c.841G<A (Val281Ile). El transportador SLCO1B1 presentó 14, siendo las más frecuentes c.388A>G (Asn130Asp) y c.521T>C (Val174Ala). CYP2E1 presentó 6 las más frecuentes fueron c.1263C>T (Phe421Leu) y c.535G>A (Val179Ile). Esta información espera ser útil como indicador de la variabilidad genética en los genes implicados en la farmacocinética de drogas anti-tuberculosis principalmente en poblaciones latinoamericanas para el desarrollo de una medicina personalizada.

Palabras clave: *Fármacos, metabolismo, polimorfismos, sustitución aminoacídica, tuberculosis.*

Análisis *in silico* de la proteína SABP2 asociado a la resistencia sistémica adquirida en diversos organismos vegetales

Lucero Vera^{1*}, Stacy Bendezú¹ y Gustavo A. Sandoval^{1,2}

¹ Grupo de Investigación de Bioinformática y Biología 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. * samiravera.98@gmail.com

RESUMEN

SABP2 es una proteína de origen vegetal que presenta un papel importante en el desarrollo de la Resistencia Sistémica Adquirida (SAR) ya que posee una elevada actividad esterasa convirtiendo metilsalicilato (MeSA) en ácido salicílico (SA). Debido a la importancia de esta enzima, nuestro objetivo fue evaluar su estructura tridimensional a partir de la información presente en distintos modelos vegetales, así como las implicancias en la divergencia estructural. Para este fin se realizó la caracterización bioinformática de la proteína SABP2 obtenida de cuatro organismos: *Nicotiana attenuata*, *Nicotiana benthamiana*, *Populus tormentosa* y el híbrido *Populus alba x Populus glandulosa*. Las secuencias de trabajo fueron obtenidas de la base de datos UniProtKB y analizadas a fin de determinar sus principales parámetros bioquímicos, predicción de estructuras secundarias, modelamiento por homología y threading empleando las herramientas ProtParam, PHD Secondary Structure Prediction, SWISS-MODEL y Phyre2, respectivamente. Los modelos tridimensionales obtenidos fueron evaluados con las herramientas RAMPAGE y ModFOLD. Como resultado, se encontró que dichas proteínas presentan un tamaño entre 260 a 263 aminoácidos, pesos moleculares entre 29,19 y 29,57 kDa y punto isoelectrico entre 5,27 y 5,72. El modelamiento molecular se realizó empleando la proteína SABP2 de *Nicotiana tabacum* como molde, mientras que el modelamiento por *threading* se realizó empleando las proteínas de familia α/β hidrolasas. Así, los modelos obtenidos presentan una conservación de α -hélices y láminas β -plegadas, siendo su estructura tridimensional de tipo mixta. Como conclusión, se obtuvieron modelos óptimos de la proteína SABP2 en los cuales se observaron cambios estructurales entre las especies bajo estudio.

Palabras clave: Divergencia, metilsalicilato, modelamiento estructural, resistencia adquirida sistémica, SABP2.