

## BM-3

### ESTUDIO DEL EXON 2 DEL GENE MICA EN POBLACIÓN MEXICANA, POR MEDIO DE MÉTODOS DE HIBRIDACIÓN MOLECULAR

García del Valle Araceli, Cruz Millán Margarita, Corona Ortega Teresa, Rangel Corona Rosalva, Aquino Gálvez Arnoldo, Camarena Olvera Angel, Aguilar Santelises Leonor. Facultad de Estudios Superiores Zaragoza de la Universidad Nacional Autónoma de México, México, D. F., E-mail: aracelig567@yahoo.com.mx

**Palabras clave:** Polimorfismo, MICA, hibridación.

**Introducción:** Mucho se ha avanzado en el conocimiento de la biología de los genes MIC (MHC class I chain related genes) desde su primera descripción hace 14 años.<sup>1</sup> La molécula MICA es codificada por un gene localizado aproximadamente a 46 kilobases (kb) del centrómero en dirección al locus HLA-B. Constituido por 6 exones, los exones 2, 3 y 4 codifican para los tres dominios extracelulares (alfa 1, alfa 2 y alfa 3) de la proteína y presentan un amplio polimorfismo. Inicialmente Bahram y colaboradores identificaron 16 variantes alélicas para el gene MICA y sólo 5 para el gene de MICB.<sup>2</sup> Actualmente, el número de variantes alélicas se ha incrementado considerablemente hasta llegar a 65 para el caso de MICA y de 30 para MICB.<sup>3</sup> La identificación de nuevos alelos ha estado motivada por el creciente interés de conocer la asociación de esta nueva familia de genes en estudios de poblaciones, así como su vínculo con los genes HLA-B y enfermedades inflamatorias, autoinmunes, infecciosas o tumorales. Existe poca información con respecto a la frecuencia de los alelos de MICA en diferentes grupos étnicos.<sup>3,4,5</sup>

**Objetivo:** Analizar el polimorfismo del exon 2, que representa una de las regiones más polimórficas del gene MICA, de una población mestiza mexicana, empleando plantillas moleculares específicas (SSOP, por sus siglas en inglés).

**Metodología:** El estudio incluyó a 103 individuos sanos no relacionados de una población mestiza mexicana, se obtuvo ADN genómico de sangre venosa anticoagulada con EDTA empleando ADNzol; se amplificó específicamente el exon 2 del gene MICA, seguido por la hibridación con oligonucleótidos secuencia específica (SSO ó SSOP) marcados con digoxigenina 3'DIG, para lograr la tipificación de los diferentes alelos.<sup>4,5</sup>

**Resultados y Discusión:** En el presente trabajo se analizó el polimorfismo del exon dos empleando 9 plantillas moleculares (sondas), lo que permitió su identificación en 7 grupos de alelos que presentaron el mismo patrón de reactividad. Se observó que las plantillas moleculares detectaron 6 de los 7 grupos catalogados con base al patrón de hibridación y que el heterocigoto de los grupos MICA\*002 y MICA\*004 presenta la mayor frecuencia génica (24 por ciento) seguido de MICA\*010 y grupo MICA\*002 con 19 por ciento.

**Conclusiones:** Los alelos MICA encontrados con mayor frecuencia fueron MICA\*002a -\*004a con 24%, seguido por MICA\*010 (19%), MICA\*002 a (19%), lo que coincide con las poblaciones estudiadas hasta la fecha.

Los resultados obtenidos representan la primera vista de la distribución de estos alelos en la población mexicana y contribuirán a su conocimiento y el de sus relaciones con HLA y algunas enfermedades.

#### REFERENCIAS

1. Bahram S, Bresnahan M, Geraghty DE, Spies T. A second lineage of mammalian major histocompatibility complex class I genes. *Proc Natl Acad Sci.* 1994 USA; 91: 6259-63.
2. Bahram S, Mizuki N, Inoko H, Spies T. Nucleotide sequence of the human MHC class I MICA gene. *Immunogenetics.* 1996; 44: 80-1.
3. Anthony Nolan Research Institute. HLA nomenclature. Disponible en: <http://hla.alleles.org/classo.html>. Actualizado: 12/02/2009.
4. García del Valle A. *Análisis molecular del exon 2 del gene MICA en una población mestiza mexicana.* Tesis de Maestría. México: FES Zaragoza, UNAM; 2006.
5. Mendoza-Rincón J, Argüello JR, Pérez-Rodríguez M, McWhinnie A, Marsh SGE, Fischer G, *et al.* Characterization of the MICA polymorphism by sequence-specific oligonucleotide probing. *Immunogenetics.* 1999; 49: 471-8.