

## **Ceremonia de presentación de la publicación Mapa del Genoma de los Mexicanos**

**México, DF, a 11 de mayo de 2009.-** El Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN) a través de su Director General, el Dr. Gerardo Jiménez Sánchez, hizo entrega del informe oficial de la publicación del artículo científico “*Analysis of genomic diversity in Mexican Mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico*”, también conocido como el “Mapa del Genoma de los Mexicanos”, que aparece en la revista *Proceedings of the National Academy of Sciences* (PNAS).

Esta ceremonia se llevó a cabo en la explanada “Francisco I. Madero” de la Residencia Oficial de los Pinos y fue encabezada por el C. Lic. Felipe Calderón Hinojosa, Presidente Constitucional de los Estados Unidos Mexicanos; en compañía de el Dr. José Ángel Córdova Villalobos, Secretario de Salud; el CP. Jorge Carlos Hurtado Valdez, Gobernador Constitucional de Campeche; el Dip. Ector Jaime Ramírez Barba, Presidente de la Comisión de Salud; el Sen. Francisco Javier Castellón Fonseca, Presidente de la Comisión de Ciencia y Tecnología; el Sen. Ramón Muñoz Gutiérrez, Secretario de la Comisión de Ciencia y Tecnología, y el Dr. Gerardo Jiménez Sánchez, Director General del INMEGEN.

Asimismo se contó con la presencia del Dr. Guillermo Soberón, Presidente del Consejo de la Comisión Nacional de Bioética; el Lic. José Antonio González Fernández; el Dr. Jesús Kumate Rodríguez, de la Fundación del Instituto Nacional del Seguro Social (IMSS); el Dr. Juan Ramón de la Fuente Ramírez, Presidente de la Asociación Internacional de Universidades, y representantes de la comunidad médica y científica de México.

El proyecto de Diversidad Genómica de la Población Mexicana inició en junio de 2005, teniendo como investigador titular al Dr. Gerardo Jiménez Sánchez, Director General del INMEGEN. El objetivo principal es determinar variaciones genéticas comunes en la población mestiza y comparar regiones diferentes de México, al igual que la comparación de esta variabilidad con los resultados del HapMap.

En este proyecto participaron Yucatán, Zacatecas, Sonora, Guanajuato, Veracruz, Guerrero, Oaxaca, Campeche, Tamaulipas y Durango. En total se recibieron muestras de cerca de 3,000 participantes de los diez estados de la República: 1,500 hombres y 1,500 mujeres. La muestra incluyó cuatro grupos indígenas: Tepehuanos de Durango, Mixtecos y Zapotecos de Oaxaca y Mayas de Campeche.

Los resultados de esta primera fase incluyen sólo a seis estados de la República Mexicana y al grupo Zapoteca en quienes se analizaron 100,000 SNPs. Las siguientes fases llegarán a un millón y medio de SNPs en un mayor número de poblaciones. Estos resultados se han integrado en un mapa genómico interactivo y disponible al público por Internet en: <http://diversity.inmegen.gob.mx>.

Los resultados de la comparación entre poblaciones Mestizas señalan que un mapa de haplotipos específico para la población mestiza Mexicana permitirá una mejor selección y reducirá el número de marcadores genéticos necesarios para estudios de asociación a enfermedades complejas, haciendo estos estudios más eficientes y más baratos.

El proyecto del mapa del genoma está diseñado como una herramienta pública de gran utilidad que sentará las bases para mejorar y acelerar el desarrollo de los estudios clínicos en medicina genómica realizados por investigadores de todo el país. Además, permitirá iniciar nuevas líneas de investigación para medir la respuesta a medicamentos e identificar variaciones genéticas

asociadas a la predisposición a enfermedades comunes, entre las que se encuentran las enfermedades infecciosas como hepatitis e influenza.

Así es como el INMEGEN a través de proyectos de investigación en medicina genómica contribuye al cuidado de la salud de los mexicanos.