



SESIÓN II

Moderadores: Dr. Eduardo Espinosa Garamendi y
Dr. Edgar Alejandro Medina Torres



Genotipificación de *Toxoplasma gondii* en animales centinela de Campeche, México, revelan variantes potencialmente virulentas

Toxoplasma gondii genotyping in sentinel animals from Campeche, México reveal potentially virulent variants

Luis Fernando Valenzuela-Moreno,¹ Claudia Patricia Rico-Torres,¹ Elvira Robles-González,¹ Alonzo Alvar Cruz-Tamayo,² Miguel Huchin-Cab,² Jonathan Pérez-Flores,³ Luz Belinda Ortiz-Alegria,¹ Irma Cañedo-Solares,¹ Héctor Luna-Pastén,¹ Carlos Cedillo-Peláez,¹ Lizbeth Xicoténcatl-García,¹ Fernando García-Lacy,⁴ Heriberto Caballero-Ortega¹

ANTECEDENTES. Actualmente se han determinado 318 genotipos de *Toxoplasma gondii* en todo el mundo. La región Neotropical es la que tiene mayor variabilidad genética y alta probabilidad de encontrar cepas virulentas. Campeche presenta las condiciones climáticas y bióticas favorables para la reproducción y diseminación del parásito. Hasta el momento no se han reportado genotipos de *T. gondii* en este estado; por lo tanto, su hallazgo en animales centinelas permitirá comprender la dinámica epidemiológica y los genotipos circulantes de la región que pudieran estar afectando a la población humana.

OBJETIVO. Determinar la presencia de *T. gondii* en muestras biológicas de perros callejeros y gallinas de traspaso de Campeche y genotipificar los aislamientos obtenidos.

MATERIAL Y MÉTODOS. Se capturaron once perros y siete gallinas de Escárcega y Calakmul, respectivamente, para colectar muestras de sangre y tejidos. La presencia de IgG anti-*T. gondii* en perros se demostró por serología y el DNA del parásito se detectó mediante PCR en ambas especies. El parásito se aisló usando bioensayos en ratón; las muestras positivas y aislamientos obtenidos se genotipificaron por PCR-RFLP empleando 15 biomarcadores.

RESULTADOS. La detección de anticuerpos IgG anti-*T. gondii* en suero de perros fue del 72.7% y 100% por ELISA y WB, respectivamente. Mediante PCR 6/11 y 1/7 perros y gallinas, respectivamente, fueron positivos. Se obtuvieron cuatro aislamientos, dos de una gallina y dos de un perro. Los dos primeros fueron genotipo ToxoDB #38 y los dos últimos ToxoDB #116. La caracterización de ROP18/ROP5 predijo que los dos primeros aislamientos serían virulentos y los dos restantes tendrían virulencia indeterminada debido al alelo nuevo de ROP5.

CONCLUSIONES. Se determinó una presión infectiva promedio del 67% por *T. gondii* en ambas regiones de Campeche; además se encontraron alelos asociados con virulencia, así como un alelo de ROP5 endémico. Es necesario realizar ensayos de fenotipificación para corroborar estas predicciones.

PALABRAS CLAVE: *Toxoplasma gondii*, genotipificación, virulencia, animales centinela, México

Abstract

BACKGROUND. Currently, at least 318 *Toxoplasma gondii* genotypes have been described worldwide, being the Neotropical region the one with the greatest genetical

¹ Laboratorio de Inmunología Experimental, Subdirección de Medicina Experimental, Instituto Nacional de Pediatría

² Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Autónoma de Campeche

³ Departamento de Observación y Estudio de la Tierra, la Atmósfera y el Océano, El Colegio de la Frontera Sur

⁴ Departamento de Medicina, Cirugía y Zootecnia para Équidos, FMVZ, UNAM

Campo de conocimiento:
Biomédica

Correspondencia:
hcaballero_2000@yahoo.com.mx

variability and high probability of finding virulent strains. Campeche State has favorable climate and biotic conditions for the reproduction and dissemination of the parasite. To date, no *T. gondii* genotypes have been described in this state; therefore, its finding in sentinel animals will allow to understand the epidemiological dynamics and circulating genotypes in the region that could be infecting the human population.

OBJECTIVE. To determine *T. gondii* presence in biological samples from stray dogs (*Canis familiaris*) and free-range chickens (*Gallus gallus domesticus*) from Campeche and to genotype the isolates obtained.

MATERIAL AND METHODS. Blood and tissue samples were obtained from eleven stray dogs and seven chickens captured from Escárcega and Calakmul communities, respectively. The presence of anti-*T. gondii* IgG antibodies in dogs were demonstrated by serology. Parasite DNA was detected by PCR in both species. The parasite was isolated by bioassays in mice, and the positive samples and isolates obtained were genotyped by PCR-RFLP using 15 biomarkers.

RESULTS. Anti-*T. gondii* IgG detection in serum from dogs was 72.7% and 100% by ELISA and Western-blot, respectively. By PCR, 6/11 and 1/7 dogs and chickens, respectively, were positive. Four isolates were obtained, two from a chicken, and two from a dog. The first two were genotype ToxoDB #38, and the last two were genotype ToxoDB #116. *ROP18/ROP5* characterization predicted the first two isolates would be virulent, and the remaining two, of an undetermined virulence due to the finding of a new allele of *ROP5*.

CONCLUSIONS. The mean *T. gondii* infective pressure was 67% in both municipalities of Campeche; furthermore, virulence associated alleles were found in addition to a new endemic *ROP5* allele. Phenotyping assays are needed to corroborate these genetic predictions.

KEYWORDS: *Toxoplasma gondii*m, genotyping, virulence, sentinel animals, México

Capacidad funcional medida con prueba de caminata de 6 minutos y su asociación con el control metabólico en niños con Diabetes mellitus tipo 1

Functional capacity evaluated with 6/minute walk test and its association with metabolic control in children

Nelly F. Altamirano-Bustamante,¹ Rubén Alba-Medina,¹ Laura Camacho-León,¹ Alejandro Gabriel Garay-González,¹ Enrique Carbajal-Ruiz,¹ Alejandro Valderrama-Hernández,¹ Hortencia Montesinos-Correa,¹ Roberto Valero-Izaguirre,¹ Raúl Calzada-León,¹ Myriam M Altamirano-Bustamante²

ANTECEDENTES. La Diabetes mellitus (DM) afecta la calidad de vida, los pacientes de edades tempranas corren mayor riesgo de presentar eventos cardiovasculares.

OBJETIVO. Describir la prueba de caminata de 6 minutos en niños y adolescentes con DM y los factores asociados.

MATERIAL Y MÉTODOS. Estudio transversal en pacientes con DM 1 a quienes se les realizó prueba de caminata de 6 minutos consignando metros recorridos, delta de frecuencia cardíaca (FC), tensión arterial (TA) y síntomas de disnea o fatiga. Registramos los factores clínicos, bioquímicos asociados con control glucémico y complicaciones crónicas. Este estudio está anclado a proyecto aprobado por los Comités del INP. Utilizamos el software STATA 15.

RESULTADOS. Presentamos 50 pacientes con DM1 (50% femeninas), con edad promedio de 9.3 años y HbA1c 9.1%. De acuerdo con control glucémico los dividimos en buen control (15 pacientes con HbA1c < 8 %) y en mal control (35 pacientes con HbA1c ≥ 8%). No encontramos diferencias significativas en edad, síntomas ni en los metros recorridos [458.8 m (66% esperado) vs 450.5 m (68% esperado)]. El grupo de mal control glucémico tuvieron TA sistólica ($p=0.04$) y diastólica más altas ($p=0.007$) con cambios significativos post prueba en la TA diastólica 0.12 [IC 95% -0.21 a -0.02], $p=0.01$ con tendencia a mayor incremento en la FC postprueba 0.07 (IC 95% -0.014 a 0.16), $p=0.09$ y mayor relación triglicéridos/colesterol HDL ($p=0.02$).

CONCLUSIONES. Los pacientes con DM1 tienen baja capacidad funcional logrando sólo el 67% de los metros esperados. Los pacientes con mal control glucémico tienen respuesta cronotrópica deteriorada y mayor frecuencia de obesidad, dislipidemia y microalbuminuria positiva.

PALABRAS CLAVE: capacidad funcional, prueba de caminata 6 metros, diabetes mellitus tipo 1

Abstract

BACKGROUND. Diabetes Mellitus (DM) affects the quality of life by higher risk at early ages of presenting cardiovascular events.

OBJECTIVE. To describe the 6-minute walk test in children and teenagers with DM and associated factors.

MATERIAL AND METHODS. A cross-sectional study in patients with DM1 who underwent a 6-minute walk test recording meters walked, heart rate delta (HR), blood pressure (BP), and symptoms of dyspnea or fatigue. We recorded clinical and biochemi-

¹ Instituto Nacional de Pediatría, Ciudad de México, México

² Centro Médico Nacional Siglo XXI IMSS, Ciudad de México, México

Campo de conocimiento:
Clínica

Correspondencia:
glutation2020@gmail.com

cal factors associated with glycemic control and chronic complications. This study is anchored to a project approved by the INP Committees. We used STATA 15 software.

RESULTS. We presented 50 patients with DM1 (50% female), with mean age 9.3 years and HbA1c 9.1%. According to glycemic control, we divided them into good control (15 patients with HbA1c < 8%) and poor control (35 patients with HbA1c ≥ 8%). We found no significant differences in age, symptoms nor meters walked [458.8 m (66% expected) vs 450.5 m (68% expected)]. The poor glycemic control group had higher systolic pressure ($p = 0.04$) and diastolic BP ($p = 0.007$) with significant post-test changes in diastolic BP 0.12 [95% CI -0.21 to -0.02], $p=0.01$] with the trend to greater increase in post-test HR 0.07 (95% CI -0.014 to 0.16), $p=0.09$ and higher triglyceride/HDL cholesterol ratio ($p=0.02$).

CONCLUSIONS. Patients with DM1 have low functional capacity achieving only 67% of the expected meters. Patients with poor glycemic control have impaired chronotropic response and higher frequency of obesity, dyslipidemia, and positive microalbuminuria.

KEYWORDS: Functional capacity, 6-meter walk test, type 1 diabetes mellitus

La investigación traslacional en su forma más disruptiva: ¿qué aprendimos de *Giardia lamblia* para tratamientos contra el cáncer?

Translational research in its most disruptive form: what have we learned from *Giardia lamblia* for cancer treatments?

Gabriel López-Velázquez,¹ Sergio Enríquez-Flores,¹ José I. De la Mora-De la Mora,¹ Itzhel García-Torres,¹ Luis A. Flores-López,¹ Cynthia Fernández-Lainez²

ANTECEDENTES. El parásito que produce la giardiásis es *Giardia lamblia*, esta enfermedad afecta principalmente a niños. Las características del parásito *Giardia* permiten entender procesos fisiopatológicos de organismos superiores. El estudio racional de la triosafosfato isomerasa de *Giardia* (GITIM) nos explica los mecanismos de inactivación enzimática a través de la modificación de cisteínas. Este conocimiento se trasladó al modelo de cáncer para proponer nuevas terapias más económicas, célula-específicas y seguras.

OBJETIVO. Demostrar que el conocimiento adquirido con *Giardia* puede trasladarse hacia propuestas terapéuticas contra el cáncer.

MATERIAL Y MÉTODOS. Estudio retrospectivo, descriptivo y, sobre todo, disruptivo con análisis cualitativo de la evidencia. Se analizó la evidencia molecular y celular de las características de la TIM y cómo se pueden ensamblar en un razonamiento lógico para proponer nuevas estrategias en otros tipos celulares. Estudiamos la estructura y función de dichas proteínas y propusimos analogías estructurales que son el fundamento multifuncional de una variedad de estrategias terapéuticas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN. La GITIM se inactiva de manera específica, mediante compuestos modificadores de cisteínas como los inhibidores de la bomba de protones. Esto es porque dichas moléculas tienen acceso a cisteínas que soportan la estructura y función de GITIM. Su afectación es a nivel energético y de acumulación de metilgioxal. La triosafosfato isomerasa de humano (HsTIM) es “inmune” a estos compuestos porque ellos no tienen acceso a las cisteínas importantes de esta enzima. En el cáncer, la HsTIM sufre cambios estructurales que la hacen parecida a la GITIM, lo cual abre una puerta en HsTIM que da acceso a los compuestos modificadores de cisteínas, como ocurre en GITIM.

CONCLUSIONES. Los mecanismos de muerte celular involucrados en la afectación de GITIM, mediante compuestos modificadores de cisteínas, son análogos a los presentes en HsTIM de algunos tipos de cáncer, haciéndola susceptible de usarse como blanco terapéutico.

PALABRAS CLAVE: triosafosfato isomerasa, *Giardia*, cáncer, desamidación, thioles

Abstract

BACKGROUND. *Giardia lamblia* is the parasite that causes giardiasis. This disease strongly affects children. The characteristics of *Giardia* allow us to understand the pathophysiological processes of higher organisms. The rational study of *Giardia* triosephosphate isomerase (GITIM) allows us to understand the mechanisms of enzymatic inactivation by modifying cysteines¹. This knowledge was translated to the cancer model² to propose new, more economical, cell-specific, safe therapies.

¹ Laboratorio de Biomoléculas y Salud Infantil

² Laboratorio de Errores Innatos del Metabolismo y Tamiz
Instituto Nacional de Pediatría

Campo de conocimiento:
Biomédica

Correspondencia:
glv_1999@ciencias.unam.mx

OBJECTIVE. Demonstrate that the knowledge acquired with *Giardia* can be transferred to therapeutic proposals against cancer.

MATERIAL AND METHODS. Retrospective, descriptive study, with qualitative analysis of the evidence and, above all, disruptive. Molecular and cellular evidence of the characteristics of TIM and how they can be assembled in logical reasoning to propose new strategies in other cell types was analyzed. We study the structure and function of these proteins. Thus, we proposed structural analogies that are the multifunctional foundation of various therapeutic strategies.

RESULTS AND DISCUSSION. GITIM is inactivated in a species-specific manner by cysteine-modifying compounds such as proton pump inhibitors. This is because such molecules have access to cysteines that support the structure and function of GITIM. Its affection is at the energy level and the accumulation of methylglyoxal. Human triosephosphate isomerase (HsTIM) is "immune" to these compounds because they do not have access to the important cysteines of this enzyme. In cancer, HsTIM undergoes structural changes that make it GITIM-like, which opens a gate in HsTIM that gives access to cysteine-modifying compounds, as occurs in GITIM.

CONCLUSIONS. The cell death mechanisms involved with GITIM by means of cysteine-modifying compounds are like those present in HsTIM from some types of cancer, making it suitable for use as a therapeutic target.

KEYWORDS: triosephosphate isomerase, *Giardia*, cancer, deamidation, thiols

Biomarcadores para predecir enfermedades autoinmunes en pacientes con inmunodeficiencias común variable (IDCV)

Biomarkers to predict autoimmune diseases in patients with common variable immunodeficiencies (CVID)

Ma. Guadalupe Velásquez-Ortíz,¹ Abigail J Saldaña-Solano,² Patricia O'Farrill-Romanillos,³ Selma Scheffer-Mendoza,⁴ Marco A Yamazaki-Nakashimada,⁴ Sara E. Espinosa-Padilla,⁵ Laura Berrón-Ruiz⁵

ANTECEDENTES. La Inmunodeficiencia Común Variable (IDCV) se caracteriza por una producción defectuosa de anticuerpos y una mayor incidencia de infecciones bacterianas recurrentes, trastornos inflamatorios, autoinmunitarios y cáncer. El 29% de los pacientes con IDCV tienen manifestaciones autoinmunes, la mayoría citopenias autoinmunes, éstas tienen un impacto negativo en la supervivencia.

OBJETIVO. Determinar biomarcadores específicos, sensibles y que de manera rápida tengan suficiente relevancia clínica para poder predecir procesos autoinmunes.

MATERIAL Y MÉTODOS. En 58 pacientes con IDCV y 37 testigos se determinó por citometría de flujo la expresión de BAFFR, células de memoria T CD4+ CD45RO+, células Treg (Treg) (CD4+, CD25+, CD127_{bajo}), células T foliculares (TfH) (CD4+ CD45 CXCR5+) y células B CD21_{bajo} (CD19+, CD38- CD21-).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN. Se dividieron a los pacientes en dos grupos: con autoinmunidad n=22 y sin autoinmunidad n=36. En el análisis comparativo, los pacientes con IDCV con autoinmunidad tuvieron una expresión baja de BAFFR y Treg ($p=0.0241$, $p=0.0219$, respectivamente), así como una alta expresión de las células TfH, células de memoria de T CD4+CD45RO+ y células B CD21_{bajo} ($p=0.05$, $p=0.0118$ y $p=0.05$, respectivamente). La expresión baja de BAFFR correlaciona con un score más alto de severidad clínica, así como entre más baja es la expresión de BAFFR más alto el porcentaje de las células B CD21_{bajo} ($r=0.5371$, $p=0.0262$; $r=0.298$ $p=0.0271$, respectivamente). Un bajo porcentaje de células Treg correlaciona con alto porcentaje de las células T CD4+CD45RO+ y un alto porcentaje de células B CD21_{bajo} ($r=-0.4636$, $p=0.044$; $r=0.4557$, $p=0.0189$, respectivamente).

CONCLUSIONES. Los hallazgos encontrados en el análisis del fenotipo inmunológico de los pacientes con IDCV, muestran la expresión de proteínas (BAFFR) y subpoblaciones de células T y B (TfH, Treg, CD21_{bajo}) en sangre periférica, que podrían ayudar como biomarcadores para predecir si un paciente puede tener una afectación autoinmune en el momento del diagnóstico.

PALABRAS CLAVE: Inmunodeficiencia Común Variable (IDCV), Enfermedad autoinmune, Células B CD21_{bajo}, Receptor del factor de activación de la célula B (BAFFR), subpoblaciones de células T

Abstract

BACKGROUND. Common Variable Immunodeficiency (CVID) is characterized by defective antibody production and increased incidence of recurrent bacterial infections, inflammatory and autoimmune disorders, and cancer. 29% of patients with CVID have

¹ Posgrado en Ciencias Biológicas UNAM, Ciudad Universitaria, México

² División de Ciencias Biológicas y de la Salud (Medicina), Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco (UAM)

³ Servicio de Alergia e Inmunología Clínica. Hospital de Especialidades del Centro Médico Siglo XXI, IMSS

⁴ Servicio de Inmunología y Alergia, Instituto Nacional de Pediatría

⁵ Unidad de Investigación en Inmunodeficiencias, Instituto Nacional de Pediatría

Campo de conocimiento:
Biomédica

Correspondencia:
lberronruiz@yahoo.com.mx

autoimmune manifestations, most of them autoimmune cytopenias; these autoimmune manifestations have a negative impact on survival.

OBJECTIVE. To determine specific, sensitive biomarkers that quickly have enough clinical relevance to be able to predict autoimmune processes.

MATERIAL AND METHODS. In 58 patients with CVID and 37 controls, the expression of BAFFR, CD4+ CD45RO+ memory T cells, Treg cells (Treg) (CD4+, CD25+, CD127_{low}), follicular T cells (Tfh) (CD4+ CD45- CXCR5+) and CD21_{low} B cells (CD19+, CD38- CD21-), were determined by flow cytometry.

RESULTS AND DISCUSSION. Patients were divided into two, with autoimmunity n=22 and without autoimmunity n=36; in the comparative analysis, patients with CVID with autoimmunity had a low expression of BAFFR and Treg ($p=0.0241$, $p=0.0219$, respectively); as well as high expression of Tfh cells, CD4+CD45RO+ memory T cells, and CD21_{low} B cells ($p=0.05$, $p=0.0118$, and $p=0.05$, respectively). Low BAFFR expression correlated with a higher clinical severity score, as the lower the BAFFR expression, the higher the percentage of CD21_{low} B cells ($r=0.5371$, $p=0.0262$; $r=0.298$, $p=0.0271$, respectively). A low percentage of Treg cells correlated with a high percentage of CD4+CD45RO+ T cells and a high percentage of CD21_{low} B cells ($r=-0.4636$, $p=0.044$; $r=0.4557$, $p=0.0189$, respectively).

CONCLUSIONS. The findings in the analysis of the immunological phenotype of patients with IDCV, show the expression of proteins (BAFFR) and subpopulations of T and B cells (Tfh, Treg, CD21_{low}) in peripheral blood; that could help as biomarkers to predict whether a patient may have an autoimmune condition at the time of diagnosis.

KEYWORDS: Common Variable Immunodeficiency (CVID), autoimmunity disease, CD21_{low} B cells, cells, B-cell activating factor receptor (BAFFR), subpopulations T cells

Estudio de la expresión de la acetilcolinesterasa (AChE) en linfocitos T normales y en células de leucemia linfoblástica aguda tipo T

Study of the expression of acetylcholinesterase (AChE) in normal T lymphocytes and in T-type acute lymphoblastic leukemia cells

Luis Antonio Flores-López,^{1,2} Itzbel García-Torres,¹ Ignacio de la Mora-de la Mora,¹ Gabriel López-Velázquez,¹ Natalia Juliette¹ Muñoz-Palacios,³ José Luis Gómez-Olivares,³ Sergio Enríquez-Flores¹

ANTECEDENTES. La Leucemia Linfoblástica Aguda tipo T (LLA-T) es un tipo de cáncer infantil con mal pronóstico y la búsqueda de nuevas terapias para su tratamiento es importante. Los linfocitos poseen un sistema colinérgico que incluye a acetilcolina (ACh) y a acetilcolinesterasa (AChE). La AChE hidroliza a ACh permitiendo regular la proliferación celular. La AChE presenta formas moleculares generadas por los transcritos AChE-H, AChE-T y AChE-R. Es importante estudiar la relación entre la expresión de AChE y la regulación de la proliferación celular, para ello se realizó el análisis de la expresión de AChE en linfocitos T normales y en células T leucémicas.

OBJETIVO. Determinar las diferencias en la expresión de la acetilcolinesterasa en linfocitos T normales y en células de leucemia linfoblástica aguda tipo T.

MATERIAL Y MÉTODOS. Se obtuvieron leucocitos de donantes sanos y los linfocitos T se purificaron con anti-CD3 unido a perlas magnéticas. Se utilizó la línea celular de LLA-T Jurkat E6-1. Se determinó la expresión de AChE por RT-PCR utilizando *primers* para AChE-H, AChE-T y AChE-R. La actividad de AChE se midió con el método de Ellman. Las formas moleculares de AChE se determinaron por sedimentación en gradientes de sacarosa.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN. Los transcritos en linfocitos T normales correspondieron a AChE-H, y en células leucémicas a AChE-H y AChE-T. Los transcritos AChE-H dieron origen a dímeros y monómeros anclados a la membrana plasmática y los transcritos AChE-T produjeron tetrámeros hidrofílicos. La actividad específica de AChE en células leucémicas está disminuida un 40% con respecto a los linfocitos T normales. La alteración en la expresión de AChE podría conducir al aumento en los niveles de ACh.

CONCLUSIONES. En la célula leucémica ocurre una desregulación de la expresión de AChE que se ve reflejado en sus transcritos y sus respectivas formas moleculares afectando su función enzimática.

PALABRAS CLAVE: Cáncer, colinérgico, leucemia, expresión

Abstract

BACKGROUND. Type T Acute Lymphoblastic Leukemia (T-ALL) is a type of childhood cancer with a poor prognosis and the search for new therapies for its treatment is important. Lymphocytes possess a cholinergic system that includes acetylcholine (ACh) and acetylcholinesterase (AChE). AChE hydrolyzes ACh allowing regulation of cell

¹ Laboratorio de Biomoléculas y Salud Infantil, Instituto Nacional de Pediatría

² CONACyT-Instituto Nacional de Pediatría, Laboratorio de Biomoléculas y Salud Infantil

³ División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana unidad Iztapalapa

Campo de conocimiento:
Biomédica

Correspondencia:
luisbioexp@gmail.com

proliferation. AChE presents molecular shapes generated by the AChE-H, AChE-T and AChE-R transcripts. It is important to study the relationship between the expression of AChE and the regulation of cell proliferation, for which the analysis of the expression of AChE in normal T lymphocytes and in leukemic T cells was performed.

OBJECTIVE. To determine the differences in the expression of acetylcholinesterase in normal T lymphocytes and in T-type acute lymphoblastic leukemia cells.

MATERIAL AND METHODS. Leukocytes were obtained from healthy donors and T lymphocytes were purified with anti-CD3 attached to magnetic beads. The T-ALL Jurkat E6-1 cell line was used. AChE expression was determined by RT-PCR using primers for AChE-H, AChE-T and AChE-R. AChE activity was measured using the Ellman method. The molecular shapes of AChE were determined by sedimentation in sucrose gradients.

RESULTS AND DISCUSSION. The transcripts in normal T lymphocytes corresponded to AChE-H, and in leukemic cells to AChE-H and AChE-T. AChE-H transcripts gave rise to plasma membrane-anchored dimers and monomers, and AChE-T transcripts produced hydrophilic tetramers. The specific activity of AChE in leukemic cells is decreased by 40% compared to normal T lymphocytes. The alteration in the expression of AChE could lead to the increase in ACh levels.

CONCLUSIONS. A deregulation of AChE expression occurs in leukemic cells, which is reflected in their transcripts and their respective molecular shapes, affecting their enzymatic function.

KEYWORDS: Cancer, cholinergic, leukemia, expression