



MEMORIAS

XXVIII Jornadas Académicas del Doctorado
en Ciencias en Biotecnología





MEMORIAS

XXVIII Jornadas Académicas del Doctorado
en Ciencias en Biotecnología



Índice

Adriana Martinez Urias	96	Lilian Azucena Barceinas Ghenno	127
Alan Garduno Montero	97	Lourdes Alejandra Figueroa Vilchis	128
Alejandra Maria Araujo Herlández	98	Luisa Fernanda Ramos Bojórquez	129
Amairany Rodríguez Navarrete	99	María Elena Camacho Leyva	130
Aminat Olamide Shokunbi	100	Maricarmen Lara Rodriguez	131
Andrea López Meraz	101	Miguel Cuahquentzi Sánchez	132
Andrea Michelle Hernández Nava	102	Nallely Michelle Panduro López	133
Anna Belia De Los Santos Camarillo	103	Noor Yaseen	134
Aqsa Yasin	104	Oscar Jesus Aispuro Castro	135
Brandon Hernández Gutiérrez	105	Pablo Alejandro Rendon Delcid	136
Brisia Lizbeth Puente Padilla	106	Raquel Rodríguez Gutiérrez	137
Carolina Lerma Treviño	107	Rohullah	138
Carolina Niño Martínez	108	Rosa Isela Delgado Espinoza	139
Cinthia Yedith Padilla García	109	Shaila Nayeli Pérez Salinas	140
Cynthia Gpe. Rodríguez Quibrera	110	Sofia Lizeth De Casas Reyes	141
Daniel Ochoa García	111	Susana Echauri Peña	142
Diego Antonio Cervantes Alvarez	112	Yazmin Melendez Xicohtencatl	143
Eduardo Quitze Vivanco Nuñez	113	Yolanda Ríos Medina	144
Eliud De Garcia	114	Yvonne Ramírez Cáceres	145
Fabiola Avila Valenzuela	115		
Gilberto Vargas Salas	116		
Hadia Akber Samoo	117		
Irma Carolina Torrecillas Rodriguez	118		
Isabel Martinez Rocha	119		
Jaime Manuel Castaneda Sánchez	120		
Jesus Uriel Hernández Armenta	121		
José Alonso Medina Parra	122		
José Efraín Caballero Chávez	123		
Kimberly Janeth Galindo González	124		
Kristell Amairany Rodríguez Chávez	125		
Leticia Guadalupe Ríos Núñez	126		

EXTRACCIÓN DE COMPUESTOS BIOACTIVOS DEL SUBPRODUCTO DE CHILE JALAPEÑO EMPLEANDO SOLVENTES EUTÉCTICOS PROFUNDOS (DES)

Adriana Martínez Urías^{1*}, Sergio Medina Godoy¹, Claudia Castro Martínez¹

¹Instituto Politécnico Nacional, Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional Unidad Sinaloa (CIIDIR SINALOA.). Boulevard Juan de Dios Bátiz Paredes No. 250, Col. San Joachin, 81049 Guasave, Sinaloa.

*amartiezu2100@alumno.ipn.mx

Resumen.- El chile verde (*Capsicum annum L.*), es un cultivo de gran relevancia mundial tanto cultural como económica. México en los últimos años se ha posicionado como el segundo productor a nivel mundial, en este grupo se incluye el chile jalapeño. Este fruto es ampliamente utilizado en la gastronomía y por la agroindustria en diversos productos, como los chiles en escabeche producidos por la empresa La Costeña®. Tan solo la planta procesadora ubicada en Guasave, Sinaloa, genera en promedio de 800 ton anuales de subproducto de chile jalapeño en la línea de producto troceado. El cual ha demostrado tener gran variedad de compuestos bioactivos como α -tocoferol, ácido gálico, rutina, catequina, y capsaicinoides los cuales dan su característico picor a este género. Además, se ha reportado ampliamente que dichos compuestos tienen un gran potencial de uso como analgésicos, antioxidantes, antiinflamatorios; y se posicionan como compuestos de interés para diferentes industrias como la farmacéutica, nutracéutica, nutricosmética, entre otras. Actualmente, distintos esfuerzos para reemplazar los métodos tradicionales de extracción de estos compuestos, empleando nuevas metodologías verdes, como el uso de Solventes Eutécticos Profundos (DES) están tomando auge. Los DES son mezclas de compuestos orgánicos, formados por un aceptor y un donador de enlaces de hidrógeno, con un punto de fusión menor al de los compuestos individualmente. Estos se presentan como una alternativa de tecnología verde frente a los disolventes orgánicos convencionales. Complementando con la Extracción Asistida por Ultrasonido (EAU), la cual al actuar a nivel celular rompiendo las paredes con el sistema de cavitación, se presenta como una tecnología no convencional, más eficiente y sostenible, ya que los compuestos no son expuestos de manera prolongada al calor. Con el propósito de crear sistemas más sostenibles y aportar a los objetivos de desarrollo sostenible, el objetivo de este trabajo es realizar la extracción de compuestos bioactivos del subproducto de chile jalapeño, empleando un sistema DES de cloruro de colina y urea, asistido con EAU. Para ello, se realizará la optimización de los bioprocesos, utilizando la Metodología de Superficie de Respuesta (MSR), para seleccionar variables de proceso significativas (amplitud, temperatura, relación muestra-solvente, tiempo) y la optimización con un sistema Box-Behnken, se confirmará la optimización con las variables de respuesta de interés que serán los capsaicinoides, este diseño y análisis estadístico se realizará empleando RStudio. También, se llevará a cabo el análisis de la capacidad antioxidante, el estudio y caracterización de la biomasa residual del proceso de extracción. Con este trabajo se busca establecer las bases tecnológicas en el uso de DES en la extracción de compuestos bioactivos de interés a partir de subproductos agroindustriales.

Palabras clave: Residuos de chile jalapeño, Solventes Eutécticos Profundos, Extracción Asistida por Ultrasonido, Compuestos bioactivos, Valorización

ANÁLISIS DE LA CAPACIDAD DE REMOCIÓN DE DICLOFENACO DE UN VSSF-CW EMPLEANDO LA DINÁMICA DE FLUIDOS COMPUTACIONAL (CFD)

Alan Garduño Montero^{1*}, Celestino Odín Rodríguez Nava², José Bernardo Proal Nájera³

¹Escuela Nacional de Ciencias Biológicas (ENCB), Unidad Profesional Adolfo López Mateos, Zacatenco, Av. Wilfrido Massieu 399, Col. Nueva Industrial Vallejo, C.P. 07738 Alcaldía Gustavo A. Madero, CDMX, México

²CIIDIR-Unidad Durango, Calle Sigma 119, Fracc. 20 de noviembre II, C.P. 34220, Durango, México.

*agardunom2301@alumno.ipn.mx

Resumen.- El diclofenaco es un contaminante emergente ampliamente detectado en cuerpos de agua a nivel global debido a su uso intensivo en la medicina humana y veterinaria, así como a su excreción de forma prácticamente inalterada, lo que favorece su persistencia en el ambiente y genera efectos ecotoxicológicos, incluso a bajas concentraciones. En este contexto, los humedales construidos de flujo vertical subsuperficial (VSSF-CW) representan una alternativa tecnológica sostenible para la remoción de este tipo de compuestos, al integrar de manera sinérgica procesos de adsorción, biodegradación y transformación fisicoquímica en medios porosos. El presente trabajo tiene como objetivo analizar la capacidad de remoción de diclofenaco de un VSSF-CW a escala laboratorio mediante la integración de evaluación experimental y modelado numérico basado en la dinámica de fluidos computacional (CFD), con el propósito de describir los mecanismos de transporte advectivo-dispersivos y las transformaciones del contaminante dentro del sistema. Experimentalmente, se construyeron columnas en configuración VSSF-CW empleando tezontle como medio de soporte, alimentadas con agua residual sintética enriquecida con diclofenaco, y se evaluó su desempeño mediante la cuantificación indirecta a través de la demanda química de oxígeno (DQO) como parámetro indirecto de remoción. Las condiciones de operación permitieron observar una reducción significativa de la DQO a la salida (~75%) durante las primeras 80 horas de operación, etapa donde presumiblemente dominan los procesos de adsorción en el medio poroso, seguida de una transición hacia un régimen donde se evidencia el desarrollo progresivo de actividad microbiana asociada al medio poroso, contribuyendo adicionalmente a la degradación del contaminante. Este comportamiento sugiere la existencia de una dinámica acoplada entre procesos fisicoquímicos rápidos y mecanismos biológicos más lentos, condicionada por la evolución del sistema y las características del medio. Paralelamente, se desarrolló un modelo CFD que incorpora el flujo en medio poroso y el transporte de especies, considerando las interacciones entre la fase líquida y la matriz sólida, el cual fue calibrado y validado mediante la comparación con datos experimentales y reportes de la literatura, mostrando una concordancia adecuada en la predicción de las tendencias de remoción observadas. Asimismo, el modelo permite evaluar la influencia de parámetros operacionales como caudal, porosidad y configuración geométrica sobre la distribución de concentraciones y la eficiencia del sistema. En conjunto, los resultados evidencian la relevancia de integrar herramientas experimentales y numéricas para comprender los procesos dominantes en humedales construidos, así como el potencial del modelado CFD como herramienta predictiva y de análisis para el diseño, optimización y escalamiento de sistemas destinados a la eliminación de contaminantes emergentes.

Palabras clave: Humedal construido, diclofenaco, VSSF-CW, CFD.

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA, FISIOLÓGICA, HISTOLÓGICA Y QUÍMICA DE PLANTAS POLIPLOIDES DE ARÁNDANO

Alejandra María Araujo-Heráldez^{1*}, Patricio Arce-Johnson², Jesús Lucina Romero-Romero¹

¹CIIDIR-UNIDAD SINALOA. Carretera a las Glorias, Col. San Juachín, 81049, Guasave, Sinaloa. ²Universidad Autónoma de Chile. Del Valle 534, 8580640, Huechuraba, Región Metropolitana, Chile.

*jromeror@ipn.mx

Resumen. - El arándano, es una especie originaria de Norteamérica que produce bayas comestibles, domesticada hace más de 70 años. En la actualidad, existen numerosas variedades, que son resultado del cruzamiento entre diversas especies del género *Vaccinium*. El desarrollo comercial de este berrie a nivel global, se centra principalmente en Norteamérica. La favorable expansión del arándano alto, mismo que puede desarrollarse en lugares fríos y también regiones cálidas, está siendo desafiada por alteraciones en los patrones de temperatura y lluvia. Dado que el clima es el principal factor que afecta la producción agrícola, se ha generado un escenario productivo con mayor incertidumbre para el cultivo de berries en México. En este proyecto se están caracterizando a nivel genético, fisiológico, histológico y químico, nuevas plantas de arándano poliploides con respecto al control. Para lo anterior, se partió por determinar el incremento en la ploidía mediante citometría de flujo y evaluar histológicamente de densidad y tamaño estomático mediante microscopía óptica. Las líneas seleccionadas (n=3), se aclimataron en condiciones *ex vitro* y se establecieron bajo las extremas condiciones climáticas del estado de Sinaloa, con la finalidad de caracterizar su respuesta fisiológica y desarrollo de sus frutos. Estos últimos, se caracterizaron químicamente determinado su pH, acidez titulable, contenido de antocianinas y capacidad antioxidante, mediante métodos previamente estandarizados. Como resultado de la caracterización genética, se identificaron 5 nuevas líneas de arándano octaploides (8x). Además, 45 líneas que no incrementaron su ploidía, pero mostraron cambios a nivel histológico, disminuyendo su densidad estomática entre el 15 y 55% é incrementando su tamaño de estoma en un 4 a 45%. Actualmente, se cuenta con un banco de germoplasma *in vitro* de todas las líneas seleccionadas. De igual manera, las 45 líneas de arándano, se establecieron exitosamente *ex vitro* y continúan su desarrollo favorablemente bajo mallasombra en las condiciones climáticas del estado de Sinaloa, con un estricto control de riego y fertilización nutricional. En ellas, se continúa evaluando su respuesta fisiológica y productiva. El 68% de las líneas seleccionadas generaron fruta durante el ciclo agrícola 2025-2026. Los frutos mostraron buena calidad poscosecha al presentar valores óptimos en diversos parámetros tales como; tamaño, color, sólidos solubles totales (SST) y acidez titulable (AT). Los resultados en conjunto permitirán generar una nueva variedad de arándano en nuestro país.

Palabras clave: Arándano, *in vitro*, cambio climático, poliploide.

DISEÑO Y FABRICACIÓN DE MATERIALES A BASE DE POLÍMEROS Y SU APLICACIÓN EN LA ENDODONCIA REGENERATIVA

Amairany Rodríguez-Navarrete¹, Doris Atenea Cerecedo Mercado¹, Alfredo Maciel Cerda², Valentín López Gayou³, César Augusto Sandino Reyes López¹, Jorge Cornejo Garrido¹.

*

¹Escuela Nacional de Medicina y Homeopatía-IPN, Calle Guillermo Massieu Helguera número 239, Fraccionamiento La Escalera, Ticomán, C.P. 07320, Alcaldía Gustavo A. Madero, Ciudad de México, ²Instituto de Investigación en Materiales-UNAM, Circuito de la, Circuito Exterior, Investigación Científica S/N, C.U., 04510 Ciudad de México, CDMX, ³Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada Tlaxcala (CIBA-Tlaxcala) Ex-Hacienda San Juan Molino, Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5, Tlaxcala, C.P. 90700, Tepetitla de Lardizábal, Tlaxcala, México

arodriguezn2300@alumno.ipn.mx

Resumen.

La caries dental no tratada, los traumatismos dentales y las variaciones anatómicas pueden desencadenar pulpitis (inflamación de la pulpa dental). A pesar de que la terapia del conducto pulpar es considerada en tratamiento estándar, presenta diversas desventajas, entre las que destacan pérdida de la vitalidad, sensibilidad dental, y un mayor riesgo de fractura dentaria, entre otras. La endodoncia regenerativa es un enfoque terapéutico que busca restaurar o regenerar el complejo dentino-pulpar, con el objetivo de promover la formación de tejido conectivo pulpar, la revascularización y la reinervación. Este enfoque se basa en la combinación de andamios (scaffolds) biodegradable y biocompatibles, células y moléculas bioactivas. En este estudio se fabricaron andamios a base de poli-ε-caprolactona (PCL), ácido poli glicólico (PGA) y colágeno (Col) en distintas concentraciones (PCL: PGA; 20:80; 50:50 y 80:20) mediante la técnica de electrohilado y fueron modificados superficialmente con colágeno. Los andamios sin colágeno se usaron como grupo control. Posteriormente fueron caracterizados por SEM, microscopia confocal, y medición de ángulo de contacto. El efecto citotóxico de los andamios se analizó mediante el ensayo de MTT en diferentes tiempos de cultivo celular (0, 3, 7, 14 y 21 días). La degradación *in vitro* de los materiales se evaluó en el día 21, tanto en medio de cultivo celular como en sembrado celular. En la endodoncia regenerativa se busca un andamio que imite temporalmente a la matriz extracelular del tejido que se desea regenerar, además, dicho andamio debe de permitir la adhesión, la proliferación, la diferenciación celular y su degradación debe de ir en sinergia con la regeneración de *tejido de novo*. Conocer las propiedades físicas y biológicas influenciadas por la composición de los andamios fabricados para estos estudios nos permitirá seleccionar el material más adecuado para los procesos de endodoncia regenerativa. Los resultados indican que las concentraciones de PCL: PGA y la incorporación de colágeno, no afectan significativamente la adhesión y en la proliferación celular, sin embargo, sí influyen en los tiempos de degradación. El andamio de PCL: PGA (50:50) sin colágeno podría considerarse el más idóneo por sus propiedades físicas y químicas.

Palabras clave: Endodoncia regenerativa, andamios, poli-ε-caprolactona (PCL), ácido poli glicólico (PGA) y colágeno.

IN SILICO ANALYSIS OF BACTERIAL ENZYMES FROM CUATRO CIÉNEGAS METAGENOMES ASSOCIATED WITH POLYETHYLENE DEGRADATION

Aminat Shokunbi¹, Ninfá M. Rosas García^{1*}

¹ Instituto Politécnico Nacional- Centro de Biotecnología Genómica, Boulevard del Maestro S/N esquina Elías Piña. Col. Narciso Mendoza. C.P. 88700 Reynosa, Tamaulipas, México.

*nrosas@ipn.mx

Abstract. - Polyethylene (PE) has proven to be the most generally produced and environmentally recalcitrant plastic, showing ultimate resistance to biodegradation. Extremophilic environments such as the Cuatro Ciénegas Basin (CCB) contain metabolically specialized microorganism communities potentially having the likelihood of novel enzymes that can degrade PE. Metagenomic mining offers a powerful approach for identifying such enzymes, overcoming culturing limitations. Metagenomic reads from microbialites and submerged microbial mats were filtered for quality control, assembled, and taxonomically classified using Kraken2. Metagenome assembled genomes (MAGs) were annotated with Prokka and functionally profiled with KEGG, EggNOGmapper, and MetaCyc. A curated reference set of 27 experimentally verified bacteria capable of degrading PE was used to construct Hidden Markov Models (pHMMs). These pHMMs were screened across MAG-derived predicted proteomes using HMMER, followed by domain validation (Pfam) and phylogenetic contextualization. Ten high-completeness MAGs were reconstructed, clustering into distinct mat and microbialite-associated groups. Across these MAGs, more than 115 candidate homologs were identified, including multicopper oxidases (MmcO), copper-resistance proteins, AlkB-like monooxygenases, and several hypothetical proteins containing conserved oxidoreductase or hydrolase domains potentially involved in PE degradation. Applying an e-value threshold of $1e^{-5}$ reduced the candidate set to 80 homologs. Submerged microbial mats exhibited the highest number of enzymatic candidates. These samples are quite similar to taxonomic enrichment in Actinomycetota and Pseudomonadota, genera historically associated with hydrocarbon and polymer degradation.

This study highlights the CCB as a reservoir of extremophilic microbes with potential for polyethylene biodegradation. Metagenomic analyses revealed diverse taxa, including Streptomyces and Pseudomonas, known for hydrocarbon and polymer degradation. *In silico* screening revealed candidate enzymes with conserved domains and evolutionary links to known plastic-degrading families. These findings underscore the ecological and biotechnological value of extreme environments for discovering novel biocatalysts. The CCB harbors diverse microbial lineages encoding previously uncharacterized enzymatic candidates with potential involvement in polyethylene oxidation and depolymerization. These results highlight CCB as a reservoir of extremophile-derived biocatalysts and provide a foundational set of targets for future structural prediction and biochemical validation.

Keywords: Polyethylene biodegradation, Metagenomics, Cuatro Ciénegas Basin, Extremophiles, In silico enzyme discovery.

EFFECTO ANTITUMORAL DE COMPUESTOS DE DIORGANOESTAÑO (IV) EN CULTIVO TRIDIMENSIONAL DE OSTEOSARCOMA

Andrea López Meraz¹, Nury Pérez Hernández¹, Rene Torres Ricario², Ángel Ernesto Bañuelos Hernández¹, Fernando Gómez Chávez¹, Jorge Cornejo Garrido¹

¹Escuela Nacional de Medicina y Homeopatía IPN Av. Guillermo Massieu Helguera 239, La Purísima Ticomán, Gustavo A. Madero, 07320 Ciudad de México, CDMX. ²Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional Unidad Durango, Sigma 119, 20 de noviembre II, 34220 Durango, Dgo.

*alopezm2200@alumno.ipn.mx

Resumen. El osteosarcoma es el tumor maligno primario de hueso más frecuente y representa el 20–25 % de los tumores óseos primarios malignos en México. Es una enfermedad que afecta principalmente a niños y adolescentes, y es más común en los varones. El tratamiento actual basado en cirugía y quimioterapia ha mejorado la supervivencia en enfermedad localizada, pero el pronóstico de los pacientes con metástasis o resistencia a la quimioterapia sigue siendo desfavorable, con supervivencias que no han cambiado en las últimas décadas. Esta situación pone de relieve la necesidad de desarrollar nuevas estrategias terapéuticas más eficaces.

En este sentido, los modelos tridimensionales de cultivo celular han surgido como una herramienta fundamental para reproducir de manera más fiel características estructurales y funcionales del microambiente tumoral, tales como interacciones célula-célula, la presencia de gradientes de oxígeno y nutrientes, así como patrones de proliferación y necrosis similares a los observados en tumores *in vivo*.

Así, el objetivo del presente estudio es evaluar la actividad antitumoral de 9 nuevos compuestos sintéticos de diorganoestaño (IV) que contienen en su estructura aminoácidos utilizando modelos tridimensionales de esferoides celulares derivados de las líneas celulares de osteosarcoma MG-63 y HOS, así como en la línea osteoblástica hFOB 1.19 como modelo de células no tumorales, mediante ensayos de citotoxicidad. En este primer avance se darán a conocer algunos resultados preliminares de este objetivo específico. También durante el proyecto se analizarán los cambios morfológicos de los esferoides, así como la posible inducción de mecanismos de muerte celular, como la apoptosis y/o necrosis, mediante ensayos de citometría de flujo. De este modo, el presente trabajo busca aportar evidencia sobre el potencial de los metalofármacos como una alternativa terapéutica prometedora para el tratamiento del osteosarcoma, especialmente en casos asociados a resistencia a la quimioterapia convencional.

Palabras clave: osteosarcoma; compuestos diorganoestaño; cultivo tridimensional.

BÚSQUEDA DE COMPUESTOS OTOPROTECTORES DIRIGIDOS HACIA LA CASPASA-3 EN LA OTOTOXICIDAD INDUCIDA POR CISPLATINO

Andrea Michelle Hernandez Nava^{1*}, Jorge Cornejo Garrido², Ángel Ernesto Bañuelos Hernández³, Iris Natzielly Serratos Álvarez⁵
Absalom Zamorano Carrillo^{1,4}, Claudia Guadalupe Benítez Cardoza^{1,4}

¹Laboratorio de Investigación Bioquímica, ²Laboratorio de Biología Celular y Productos Naturales, ³Laboratorio de Microbiología Molecular y ⁴Laboratorio de Biofísica Computacional; ENMH, Instituto Politécnico Nacional, Guillermo Massieu Helguera 239 Fracc. La Escalera, Ticomán C.P. 07320 CDMX., ⁵Departamento de Química, Universidad Autónoma Metropolitana–Unidad Iztapalapa (UAM-I), Av. San Rafael Atlixco 186, Col. Leyes de Reforma 1ra Sección, Iztapalapa, C.P. 09340, CDMX.

[*ahernandezn2505@alumno.ipn.mx](mailto:ahernandezn2505@alumno.ipn.mx)

Resumen

La ototoxicidad inducida por cisplatino es considerada uno de los efectos adversos más importantes asociado al uso de este compuesto, debido a que se presenta de forma bilateral, progresiva y en la mayoría de los casos irreversible. Esta última característica se relaciona con la apoptosis de las células ciliadas, proceso en el cual, la caspasa-3 desempeña un papel central. Esta investigación plantea identificar compuestos con potencial inhibitorio de la caspasa-3, empleando estudios *in silico* e *in vitro*, logrando así, desarrollar tratamientos farmacológicos de administración local capaces de disminuir o mitigar el daño auditivo ocasionado por el cisplatino, sin comprometer su eficacia terapéutica.

Palabras clave: apoptosis, caspasa-3, cisplatino, otoprotectores, ototoxicidad.

Introducción

La ototoxicidad se define como el daño ocasionado al oído interno por la exposición a compuestos ototóxicos (Steyger 2021). Entre estos se han identificado: antiinflamatorios no esteroideos (AINES), antibióticos, antipalúdicos, diuréticos de asa y quimioterapéuticos basados en platino (Rybak y Ramkumar 2007; Ganesan et al. 2018; Pasdelou et al. 2024). Dentro de este último grupo están el carboplatino, oxaliplatino y cisplatino, siendo este último compuesto de particular interés debido a su amplia aplicación clínica. El cisplatino es utilizado en el tratamiento de diversos tipos de cáncer, incluyendo aquellos de cabeza y cuello, cuello uterino, ovario, pulmón, vejiga y testículo en adultos, así como neuroblastomas, osteosarcomas y hepatoblastomas en población pediátrica (Rybak y Ramkumar, 2007; Callejo et al., 2015; Tang et al., 2021; Wang et al., 2023). Sin embargo, su uso se ve limitado por la aparición de efectos adversos, entre los que destaca la ototoxicidad inducida por cisplatino (CIO, por sus siglas en inglés cisplatin-induced ototoxicity). La CIO es considerada el efecto adverso más común debido a la acumulación y retención prologada de este fármaco en la cóclea. Clínicamente se manifiesta como tinnitus e hipoacusia, los cuales se presentan de forma bilateral, progresiva e irreversible (Fernández et al. 2021; Tan y Vlajkovic 2023). Este daño auditivo afecta a más del 60% de los pacientes pediátricos y alrededor del 30-60% de pacientes adultos (Magagnoli et al. 2024). Se ha reportado que la CIO no solo perjudica la salud física, sino que también afecta

CARACTERIZACIÓN DE *Listeria monocytogenes* EN LA CADENA PRODUCTIVA DE CARNE BOVINA Y SU RIESGO EN SALUD PÚBLICA.

Anna Belia De Los Santos Camarillo¹, José Vázquez Villanueva², Virgilio Bocanegra García¹, Ana Verónica Martínez Vázquez^{1*}

¹Centro de Biotecnología Genómica, IPN, Blvd del Maestro SN, Col. N. Mendoza, CP 88710, Reynosa, Tam. ²Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UAT, Carr. Mante km 5, Ej. Santa Librada, C.P. 87274, Ciudad Victoria, Tam.,

*avmartinez@ipn.mx

Resumen.- *Listeria monocytogenes* es la bacteria causante de listeriosis, una enfermedad con baja incidencia, pero con alta tasa de hospitalización (80-90%) y mortalidad (20-30%). Esta enfermedad afecta principalmente a mujeres embarazadas, infantes, personas de tercera edad y pacientes inmunocomprometidos, por lo que se le considera la tercera enfermedad más grave transmitidas por alimentos. El tratamiento usual para listeriosis consiste en β -lactámicos como ampicilina o amoxicilina, generalmente combinados con un aminoglucósido, con mayor frecuencia gentamicina. Así también se utilizan algunos tratamientos alternativos con trimetoprima-sulfametoxazol, vancomicina o fluoroquinolonas. Sin embargo, en los últimos años se ha reportado la presencia de cepas *Listeria monocytogenes* resistentes a uno o varios de estos antibióticos, dificultando con ello la aplicación de un tratamiento efectivo, que conlleva a que se agraven los síntomas y eleva aún más la tasa de mortalidad. En México se ha publicado poca información sobre la prevalencia de *Listeria monocytogenes* y su potencial riesgo para la salud pública. Por lo cual, el objetivo del presente estudio es evaluar la prevalencia de *Listeria monocytogenes*, virulencia y patrones de resistencia a antibióticos en la cadena productiva de carne de res en el municipio de Victoria, Tamaulipas, México. Como parte de la metodología, se tomaran muestras representativas durante 12 meses (Octubre de 2025 a Septiembre de 2026), que consistirán de: carne molida de res de venta al menudeo en comercios locales (120 muestras), canales de res en rastro (120 muestras), muestras de superficies dentro del rastro (120 muestras) y muestras de heces fecales de ganado bovino (120 muestras). Para el aislamiento e identificación de *Listeria monocytogenes* cada muestra será homogenizada en proporción 1:10 en agua peptonada, para posteriormente inocularse por duplicado en placas de CHROMagar™ *Listeria*. La identificación será corroborada por VITEK. Para determinar virulencia y serotipos se seleccionaron 10 genes de virulencia que se analizarán mediante PCR. La prueba de susceptibilidad a antibióticos se realizará por el método de Kirby-bauer (CLSI) utilizando un panel de 12 antibióticos. Finalmente, entre las cepas obtenidas se seleccionarán algunas de interés para realizar un análisis del genoma completo. Como parte de los resultados actuales, se han obtenido 200 muestras (50 carne molida, 50 canales, 50 superficies y 50 heces bovinas). Solo se ha detectado la presencia de *Listeria monocytogenes* en las muestras de carne molida comercial en un 18% (9/50). Entre octubre a marzo, la mayor prevalencia se detectó en muestras de febrero con 40% (4/10). Hasta el momento se han detectado 8 de los 10 genes de virulencia incluido en este estudio, siendo los genes *actA* y *plcB* con 90%. Con los resultados parciales obtenidos hasta el momento, podemos considerar que la carne de res comercializada en Cd. Victoria, Tams podría representar un riesgo para la salud pública ante un manejo inadecuado.

Palabras clave: *Listeria monocytogenes*, virulencia, resistencia, Tamaulipas.

ASSESSING THE LIFE-STORY, OF SUBLETHAL EXPOSURE TO CRY, CYT AND VIP TOXINS OF *Bacillus thuringiensis* IN *Aedes aegypti*

Aqsa Yasin^{1*}, Ninfa M. Rosas García¹, Erick de J. de Luna Santillana²

¹ Laboratorio de Biotecnología Ambiental, Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Reynosa, Tamaulipas, Mexico.

² Laboratorio de Medicina de Conservación, Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Reynosa, Tamaulipas, México.

*ayasin2500@alumno.ipn.mx

Mosquito-borne diseases continue to cause a significant health burden worldwide. *Aedes aegypti* is the single-most important vector for the transmission of arboviruses such as dengue, Zika, chikungunya, and yellow fever. Prior approaches have predominantly used chemical insecticides for vector population control, which have been largely successful; however, significant environmental damage and increasing insecticide resistance have prompted the scientific community to explore alternative strategies. To this end, microbial bioinsecticides, particularly *Bacillus thuringiensis* (Bt) have emerged as an environmentally sustainable alternative to the chemical insecticides due to their biodegradability and limited non-target toxicity. Existing Bt-based approaches primarily focus on acute mortality, while the efficacy of sublethal exposure in terms of environmental impact and physiological, transgenerational, and transcriptomic effects on the mosquito vectors has been largely understudied. This research work aims to investigate the life-history, of sublethal exposure to the Cry/Cyt and Vip toxins of Bt in *Ae. aegypti*. The hypothesis says that sublethal exposure of Cry/Cyt and Vip induces measurable changes in development, survival, reproduction, morphology, and gene expression of *Ae. aegypti*, to address this, we established a colony of *Ae. aegypti* from eggs from previous colonies from Reynosa and Tapachula, Chiapas. On the other hand, Bt isolates will be screened for the presence of *cry*, *cyt* and *vip* genes. Toxins will be obtained as reported by Dulmage *et al.* (1970) and tested at sublethal concentrations through bioassays on 3rd instar larvae. The life-history traits to determine include larval development time, pupation success, adult emergence, fecundity, longevity, wing morphology, and flight activity. Gene expression responses associated with toxin exposure will be determined. Differentially expressed genes will be identified and functionally annotated with a specific focus on genes involved in detoxification, including cytochrome (P450) monooxygenases (CYPs), glutathione S-transferases (GSTs), and carboxylesterases (COEs); stress response genes such as heat shock proteins (HSP70 and HSP90); and reproduction-related genes, including vitellogenin (Vg), vitellogenin receptor (VgR). These analyses will help to understand how sublethal Bt exposure influences physiological adaptation and the potential emergence of tolerance or resistance.

Palabras clave: *Bacillus thuringiensis*, Vector control, Life-history traits.



Diseño, obtención y validación experimental de derivados del ácido fenoxiacético como agentes antihiperoglucémicos

Brandon Hernández Gutiérrez^{1*}, Fabiola Eloisa Jiménez Montejó¹, María del Carmen Cruz López¹

¹Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Instituto Politécnico Nacional, Carretera Estatal Santa Inés Tecuexcomax-Tepetitla, Km 1.5, Tepetitla de Lardizábal, 90700 Tlaxcala, Mexico.

*bhernandezg2200@alumno.ipn.mx

Resumen. La diabetes mellitus es una enfermedad crónica que se caracteriza por hiperglucemia (HG). Se estima que para el 2050 cerca de 853 millones de personas tendrán esta enfermedad, un incremento del 69 % con respecto al 2025. La variante tipo 2 de esta enfermedad está presente en el 90% de los casos diagnosticados, presentando pérdida progresiva de la sensibilidad a la insulina lo que conduce a HG, hiperinsulinemia y eventual agotamiento de las células β -pancreáticas. Actualmente, las terapias clínicas utilizan como principales agentes antidiabéticos a las sulfonilureas y biguanidas; sin embargo, el uso prolongado puede inducir tolerancia y pérdida de eficacia, o fenómenos como el “fallo secundario” en las sulfonilureas, donde se pierde la función de islotes pancreáticos por la toxicidad intrínseca del fármaco. Existen múltiples objetivos farmacológicos para tratar esta enfermedad lo que permite la combinación de diferentes terapias con mecanismos de acción distintos, lo que crea la posibilidad de obtener compuestos multiobjetivo que puedan tener su acción farmacológica en múltiples niveles fisiológicos (multimodal) reduciendo el riesgo de inducir tolerancia farmacológica y daño por toxicidad. El diseño de fármacos asistido por computadora (CADD, por sus siglas en inglés) es una herramienta con la capacidad de asistir en el diseño y la obtención de compuestos multimodales para el tratamiento de la diabetes tipo 2. Este trabajo tiene como objetivo la obtención de derivados del ácido fenoxiacético (DAFs) con potencial efecto antihiperoglucémico y su validación experimental utilizando como herramienta el CADD, específicamente modelos QSAR-IA y Cribado virtual, dirigiendo el diseño a obtener compuestos agonistas de los receptores celulares PPAR gamma y alfa y FFAR1 e inhibitorio de las enzimas alfa-glucosidasa, amilasa y DPP-4. Por último, validar la actividad antihiperoglucémica predicha mediante experimentos *in vitro*. La metodología utilizada para el diseño se enfoca en un modelo híbrido que integra la construcción de modelos QSAR usando aprendizaje automatizado y el cribado virtual basado en acoplamiento molecular, predicciones farmacocinéticas y farmacodinámicas y dinámica molecular. Posteriormente, la síntesis de los DAFs inicia con la obtención del ácido fenoxiacético *orto*, *meta*, o *para* sustituidos y su posterior condensación con los alcoholes o aminas correspondientes. Luego, los ensayos de inhibición enzimática se realizan mediante colorimetría siguiendo metodologías ya establecidas utilizando como controles positivos los fármacos comerciales acarbose y vildagliptina, empleando α -glucosidasa de *Saccharomyces cerevisiae*, amilasa pancreática porcina y DPP-4 humana recombinante. Los ensayos para la acción agonista en los receptores PPARs se llevan a cabo en líneas celulares HepG2 mediante inmunoensayos con kits de ALESSA, mientras que para FFAR1 se utilizan ensayos de flujo de calcio en células HEK293 transfectadas, INS-1 o MIN6. En conclusión, se espera que las metodologías del CADD permitan obtener un grupo de compuestos con actividad

USO DE MEZCLAS DE MICROALGAS COMO ADITIVOS EN DIETAS FORMULADAS PARA LA ALIMENTACIÓN ANIMAL.

Brisia Lizbeth Puente Padilla¹, Gabriel Iván Romero Villegas², Claudio Fuentes Grunewald², Hervey Rodríguez González^{1*}

¹Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR Sinaloa, Bulevar Juan de Dios Bátiz Paredes No. 250, Guasave, Sinaloa, ²Universidad de Ciencia y Tecnología Rey Abdalá, Thuwal, Arabia Saudita.

*hrodriguez@ipn.com

Resumen. - La demanda internacional de productos animales sigue en aumento, y, por lo tanto, la producción de alimento para animales es un gran desafío para la seguridad alimentaria mundial. Debido a su alta producción y valor comercial, especies como la tilapia del Nilo y el camarón blanco son una parte central de la acuicultura, creando así una creciente demanda de alimentos balanceados. Tradicionalmente, la harina de pescado ha sido el ingrediente por excelencia en las dietas de animales acuícolas debido a su alto valor nutritivo y digestibilidad, pero sus precios y explotación han impulsado la búsqueda de alternativas más ecológicas para la alimentación. De igual forma, en la industria avícola, especialmente en la producción de los pollos de engorda (*Gallus gallus*), la harina de soja es la principal fuente de proteína. Sin embargo, su producción genera problemas ambientales como la deforestación, el consumo masivo de agua, la emisión de gases de efecto invernadero, la competencia con la alimentación humana, el mayor costo y la pérdida de estabilidad en el suministro. La harina de microalgas ha sido una alternativa interesante para formular dietas para la acuicultura y la avicultura respectivamente. Las microalgas están compuestas de proteínas, lípidos y carbohidratos, con un perfil de aminoácidos muy equilibrado, de modo que no se requieren suplementos sintéticos alternativos que requieren un mayor costo de producción. Por lo esto, este trabajo tiene como objetivo la evaluación de las microalgas como aditivo en la dieta, formulada para la tilapia del Nilo (*Oreochromis niloticus*), para el camarón blancos juveniles (*Penaeus vannamei*) y para pollos de engorda (*Gallus gallus*) mejorando así la productividad. Para cumplir con lo anterior, se produjo la biomasa de las microalgas *Chlorella vulgaris* y *Leptolyngbya* sp. en reactores tipo raceway para este propósito. Se realizaron análisis bromatológicos de acuerdo con los procedimientos estándar establecidos por la AOAC. La cuantificación de los ácidos grasos se llevará a cabo utilizando técnicas de transesterificación directa, con su identidad verificada en base a los tiempos de retención comparados con los de sus estándares. Al mismo tiempo, se emplearán técnicas cromatográficas para cuantificar el contenido de aminoácidos. Además, los antioxidantes, flavonoides y fenoles totales se medirán mediante técnicas colorimétricas. Los resultados obtenidos al momento mostraron que, en los pollos, la inclusión de microalgas en sus dietas no afectó significativamente el crecimiento ni la supervivencia. En tilapias, se observó el mismo comportamiento durante los primeros días de cultivo. Colectivamente, los resultados indican que la incorporación de microalgas en la dieta de tilapias y pollos no impactó negativamente en el peso corporal de los animales.

Palabras clave: Microalgas, alimentación animal, nutrición.

TRANSCRIPTOMA PLACENTARIO Y METILACIÓN GEN-ESPECÍFICA EN MUJERES EMBARAZADAS EXPUESTAS A FLUORURO Y SU ASOCIACIÓN CON PREECLAMPSIA.

Carolina Lerma-Treviño¹, Nury Pérez Hernández², David Guillermo Pérez Ishiwara², Ana María Sifuentes Rincón³, Mónica Ivette Jiménez Córdova⁴, Carlos Galaviz-Hernández^{1*}

¹Instituto Politécnico Nacional, Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional Unidad Durango, Sigma 119, 20 de Noviembre, 34220 Durango, México.

²Instituto Politécnico Nacional, Escuela Nacional de Medicina y Homeopatía, Luis Enrique Erro S/N, Zacatenco, Alcaldía Gustavo A. Madero, 07738, CDMX, México.

³Instituto Politécnico Nacional, Centro de Biotecnología Genómica, Boulevard del Maestro S/N esq. Elías Piña, Col. Narciso Mendoza, 88710, Reynosa, México.

⁴Centro de Investigación y Estudios Avanzados, Laboratorio de Toxicología, Av. Instituto Politécnico Nacional 2508, Gustavo A. Madero, 07360 CDMX, México.

*carlosgalavizhernandez55@gmail.com

Resumen.- La preeclampsia (PE) es una de las principales causas de morbilidad materno-fetal, su origen se ha asociado a la disfunción placentaria y se ha sugerido que exposiciones ambientales como el fluoruro (F) podrían influir en su desarrollo, ya que tiene la capacidad de atravesar la barrera placentaria, esto podría alterar la función y vascularización placentaria. Nuestro objetivo es evaluar la asociación entre la exposición al F y la PE a través del análisis del transcriptoma placentario y metilación gen-específica en mujeres embarazadas. Esto permitirá identificar genes y vías de señalización diferencialmente expresados asociados a la PE que se muestren afectados por el F. Además, estudiar los patrones de metilación de genes específicos asociados a la PE permitirá conocer si el F puede generar cambios en la expresión génica a través de alterar mecanismos regulatorios epigenéticos. Se realizará un estudio de casos y controles aprobado por el Comité de Ética e Investigación del Hospital General de Durango (710/026) de 45 mujeres embarazadas (15 con PE y 30 sanas) para cuantificar las concentraciones de F en orina materna, placenta, agua de consumo y fluorosis dental. Se seleccionará una submuestra de 12 mujeres (3 casos y 3 controles con las mayores concentraciones de F; 3 casos y 3 controles con las menores concentraciones de F) para analizar el transcriptoma placentario mediante RNA-seq. El análisis bioinformático se realizará por medio de la plataforma Galaxy y R utilizando herramientas como Degust, GProfiler, STRING. Se seleccionarán genes involucrados en la etapa de placentación y que estén estadísticamente correlacionados con el F para validar su expresión en toda la muestra por RT-qPCR con sondas TaqMan. Asimismo, se evaluará la metilación de los genes específicos tratados con bisulfito, se calculará el % de metilación. Por último, se realizará un análisis descriptivo y se emplearán modelos de regresión lineal y logística para estimar la asociación entre la exposición de F y la PE. Analizar la exposición gestacional al F y el transcriptoma placentario en gestantes con y sin PE aportará evidencia novedosa sobre sus efectos moleculares y apoyar estrategias de salud pública en regiones endémicas de hidrofluorosis como Durango donde se reportan concentraciones en agua superiores a límites permisibles nacionales e internacionales.

Palabras clave: expresión génica, transcriptómica, preeclampsia, one health.

NANOENCAPSULACIÓN DEL EXTRACTO DE NEEM (*Azadirachta indica* A.) PARA EL CONTROL DE MANCHA DORADA EN EL CULTIVO DEL NOPAL (*Opuntia Ficus indica* L.)

Carolina Niño Martínez^{1*}, María Eugenia Jaramillo Flores², Ma de la Paz Salgado Cruz³,
Aida Verónica Rodríguez Tovar⁴, Raúl Jacobo Delgado Macuil⁵

^{1, 2, 3} Instituto Politécnico Nacional, Departamento de Ingeniería Bioquímica, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Av. Wilfrido Massieu 399, Nueva Industrial Vallejo, Gustavo A. Madero, Ciudad de México, 07738. ⁴ Departamento de Microbiología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Prolongación de Carpio y Plan de Ayala s/n Colonia Santo Tomás, Miguel Hidalgo Ciudad de México 11340, México; Instituto Politécnico Nacional, Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Ex-Hacienda San Juan Mo-lino, Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5, Tepetitla de Lardizabal, 90700 Tlaxcala, México.

*cninom2300@alumno.ipn.mx

Resumen. La Mancha Dorada del nopal, causada por *Alternaria* sp. es un hongo que induce lesiones cloróticas y costras doradas. Su caracterización requiere la integración de técnicas moleculares, morfológicas y quimiométricas asociadas a factores de patogenicidad como toxinas o síntesis de melanina, cuyo control se basa el uso de fungicidas químicos con uso restringido debido a su alto riesgo toxicológico. Este estudio, caracterizó el hongo fitopatógeno, sus factores de patogenicidad asociados a la producción de melanina y la actividad antifúngica/antimelanogénica de extractos de neem para su biocontrol. El hongo aislado, fue caracterizado morfológica y molecularmente mediante filogenia multilocus (ITS, Alt_a1, ATPasa e His_3) integrado al análisis químico (FTIR), se cuantificó la melanina por espectroscopía UV-VIS correlacionado con pruebas de patogenicidad. Finalmente, se evaluó la actividad antifúngica de extractos etanólicos y cetónicos de neem aunado a un estudio in-silico de las proteínas asociadas a la biosíntesis de melanina. Como resultado, seis cepas con características fenotípicas fueron identificadas como *A. alternata* y *A. tenuissima*, siendo His_3 el único marcador que las diferenció. En los análisis quimiométricos basados en el PCA del espectro infrarrojo, dos cepas se diferenciaron en las regiones asociadas a compuestos aromáticos y proteínas. *A. tenuissima* (M18) mostró mayor severidad de la infección, mayor pigmentación (2.6 µg melanina/mg micelio) y producción de conidios. Los espectros infrarrojos de la melanina estándar y extraída coinciden con grupos de indoles, aminas secundarias, enlaces conjugados asociados a quinonas y nitrilos. Adicionalmente, los ligandos que obtuvieron menor ΔG_{bind} con las proteínas pksA, brm1, brm2, Crm1, fueron nimbolide, azadirachtina, tricloclazol y guayacol, respectivamente. Mediante HPLC se identificaron compuestos apolares y terpenoides en el extracto de acetona. Finalmente, se obtuvo mayor actividad antifúngica en tricloclazol, guayacol y extracto cetónico con CMI de 25, 500 y 1000 µg/mL, respectivamente. En conclusión, los extractos de neem presentan actividad antifúngica pero no antimelanogénica en altas concentraciones, mientras que el guayacol y tricloclazol inhiben el crecimiento y la pigmentación de *Alternaria spp*, por lo que se debe profundizar en el mecanismo de inhibición y estrategias de nanoencapsulación para pruebas in-vivo.

Palabras clave: *Alternaria*, *Opuntia ficus indica*, patogenicidad, melanina, actividad antifúngica.

IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE FACTORES DE RIESGO PARA LEUCEMIA AGUDA EN NIÑOS DEL NORESTE DE MÉXICO

Cinthia Yedith Padilla García¹, Karina Janett Juárez Rendón^{1*}, Sergio Montes López²

¹Centro de Biotecnología Genómica, Blvd. del Maestro S/N esquina Elías Piña, Col.

Narciso Mendoza C.P. 88700, Reynosa, Tamaulipas, ²Unidad Académica

Multidisciplinaria Reynosa-Aztlán, Calle 16 y Lago de Chapala, col. Aztlán, C.P.

88778, Reynosa Tamaulipas,

*Correo del autor principal: kjuarezr@ipn.mx

Resumen.- La leucemia es un tipo de cáncer que afecta principalmente la médula ósea. Desde el punto de vista clínico, existen 4 tipos principales: mieloides agudas, mieloides crónicas, linfoides agudas y linfoides crónicas. La leucemia linfóide aguda (LLA), es el cáncer más común en la niñez y adolescencia, el cual va a estar caracterizado por producir linfocitos inmaduros (glóbulos blancos), impidiendo la defensa correcta del cuerpo, contra infecciones. La LLA representa un problema de salud pública a nivel mundial, cuya incidencia global reportada es de 28.2% y de 34.1% a nivel nacional. La tasa de mortalidad en el país ha sido reportada en 45%. Con respecto a la génesis de la enfermedad, se ha sugerido que es de origen multifactorial, incluyendo factores genéticos, inmunológicos, epigenéticos y ambientales. El objetivo de este trabajo consistirá en identificar y analizar los principales factores de riesgo que predisponen el desarrollo de LLA en niños del noreste de México. El estudio será observacional, descriptivo, comparativo y transversal. Niños de 0 a 19 años con LLA y un grupo control de niños sanos serán analizados. Todos los participantes serán provenientes de Coahuila, Tamaulipas y Nuevo León. A cada individuo se le realizará una historia clínica completa y se les tomará una muestra de sangre periférica para llevar a cabo un análisis molecular (extracción de DNA, PCR, secuenciación) de genes candidatos (2-3) para LLA previamente identificados mediante servidores bioinformáticos (STRING y Cytoscape). Los resultados serán analizados por medio de Chromas, Mega, Polyphen 2 y SIFT para identificar variantes génicas (mutaciones y polimorfismos). Por otro lado, se determinarán metales pesados en sangre (plomo, cadmio y arsénico) por medio de espectrofotometría de absorción atómica con horno de grafito, considerando los niveles límites permisibles establecidos por organismos nacionales e internacionales. La Estadística descriptiva, determinación de frecuencias alélicas y genotípicas y el análisis multivariado, será realizado con la finalidad de determinar si ambos factores podrían representar un factor de riesgo para el desarrollo de la enfermedad. Este análisis permitirá establecer estrategias eficientes para una mejor comprensión de la enfermedad, diagnóstico y un tratamiento oportuno. Además de dar pauta a futuras investigaciones.

Palabras clave: Leucemia, metales pesados, genes, secuenciación.

AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE BACTERIAS DEPREDAADORAS (BALOs) EN RIZÓSFERA DE CÍTRICOS

Cynthia Gpe. Rodríguez Quibrera^{1*}, Jong Won Park², Madhurababu Kunta², José Luis Hernández Mendoza¹, and Xianwu Guo^{1*}

¹ Centro de Biotecnología Genómica-IPN, Blvd del Maestro SN, Col. Narciso Mendoza, Reynosa, Tam., CP. 88700, ² Texas A&M University-Kingsville Citrus Center, 312 N International Blvd, Weslaco, TX 78599.

*xguo@ipn.mx, crodriguezq1200@alumno.ipn.mx

Resumen.

El Huanglongbing (HLB) es la enfermedad más devastadora de los cítricos a nivel mundial, afecta a todas las variedades de cítricos, baja el rendimiento de la cosecha y provoca la muerte de los árboles infectados. Esta enfermedad en México es causada por la bacteria Gram-negativa *Candidatus Liberibacter asiaticus* (CLas), actualmente no existe un tratamiento efectivo para combatirla, lo que hace urgente establecer medidas de control eficientes y ecológicamente seguras. En este contexto se ha propuesto el uso de bacterias depredadoras "Bdellovibrio and like organisms" (BALOs). Existe antecedente de su empleo como agentes de biocontrol en cultivos como la papa, el arroz, soya y cebolla. El objetivo de este trabajo fue el aislamiento e identificación de BALOs en suelos cultivados con cítricos. Se colectaron seis muestras en Weslaco, Texas (E.U.), y dieciocho en Veracruz, México. Los BALOs se multiplicaron en cocultivos con *E. coli* (cepa DH5 α), se purificaron mediante doble capa y se identificaron mediante la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) utilizando iniciadores específicos para el gen 16S rRNA. La secuenciación se realizó en Eurofins Genomic. En las muestras de suelo de Texas se identificaron 11 aislados de *Bdellovibrio bacteriovorus* y 4 de *Bdellovibrio* sp, se seleccionó el aislado M4 (DO=0.167) para pruebas de depredación contra *E. coli* y *Micrococcus* sp. (DO=0.001), mostrando eficiencia determinada por la presencia de halos o zonas claras en los cocultivos. En las muestras de Veracruz se obtuvieron 16 aislados, de los cuales 7 cepas del género *Bdellovibrio* sp. fueron confirmadas por PCR. Actualmente se realizan pruebas de depredación contra *Liberibacter crescens* (Lcr) bacteria modelo de CLas. Posteriormente se seleccionará la cepa con mayor eficiencia de depredación contra Lcr, la cual será evaluada en plantas de cítricos infectadas con CLas, para su posterior secuenciación. Estos hallazgos constituyen la primera evidencia del uso de bacterias depredadoras en cítricos, y abren la posibilidad de desarrollar estrategias biológicas sostenibles para el control del HLB, ofreciendo una alternativa innovadora y respetuosa para el medio ambiente frente a una de las enfermedades más críticas de la citricultura mundial.

Palabras clave: *Bdellovibrio*, HLB, biocontrol, cítricos.

EVALUACIÓN SUCESIONAL DE REDES MULTITRÓFICAS DEL METAHOLOBIONTE DURANTE LA COLONIZACIÓN DE *Pinus leiophylla* POR *Dendroctonus* spp.

Daniel Ochoa-García¹, Francisco Armendáriz-Toledano², J. Natividad Gurrola-Reyes¹, María Berenice González-Maldonado¹, José Luis Hernández Mendoza³, Isaías Chairez-Hernández¹

¹Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR Unidad Durango, Sigma 119, Fracc. 20 de noviembre II, Durango 34230, Durango, México, ²Instituto de Biología, Departamento de Zoología, Colección Nacional de Insectos, Universidad Nacional Autónoma de México, Circuito Zona Deportiva S/N, C.U. Coyoacán, 04510 Ciudad de México, México, ³Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Boulevard del Maestro s/n, esq. Elías Piña, Col. Narciso Mendoza, Reynosa 88710, Mexico

*ochoagarciadaniel@gmail.com

Resumen. - Los ecosistemas forestales de *Pinus leiophylla* Schiede ex Schltdl. & Cham. se encuentran expuestos a amenazas bióticas naturales que son lideradas por insectos descortezadores y su microbioma. Las interacciones de estos impactan en la colonización, debilitamiento y declinación fisiológica de los pinos. El objetivo de esta investigación es describir y comparar la estructura de redes multitróficas entre insectos y microbioma en diferentes etapas de declinación fisiológica y alturas verticales del pino, tomando en cuenta especies importantes como *Dendroctonus* spp., y sus depredadores y parasitoides. El muestreo se realizó en un sitio forestal, en el municipio de San Dimas, Durango, México. En el sitio se eligió un árbol para cada una de las tres fases de declinación fisiológica, de los cuales se obtuvieron 18 trozas de las secciones alta (6), media (6) y baja (6). Las trozas se llevaron al laboratorio, se colocaron en bolsas de manta cruda y se revisaron semanalmente para la recolección de los insectos emergentes. Los organismos emergidos serán identificados taxonómicamente, cuantificados y clasificados en gremios tróficos. La diversidad se evaluará mediante diversidad verdadera, curvas de rarefacción, curvas de rango-abundancia y métodos multivariados como NMDS y ANOSIM. Para caracterizar el microbioma se harán extracciones del ADN total, seguida de una secuenciación masiva (metagenómica). Con esa información, se construirán matrices de ocurrencia y abundancia que servirán para la construcción de redes de interacción utilizando índices de similitud y el método SparCC, con visualización en R. Se espera encontrar patrones espaciales y temporales en la diversidad de insectos y microbiomas, así como cambios en la estructura de las redes asociados a las fases de declinación. Asimismo, se espera encontrar taxones microbianos que tengan la función de especies núcleo, lo que permitirá determinar si su papel facilita la declinación fisiológica de los pinos. Los resultados ayudarán a una mejor comprensión de las interacciones en sistemas forestales, comprendiendo cómo las interacciones entre insectos, microorganismos y hospederos estructuran la diversidad, el funcionamiento del sistema y los procesos ecológicos.

Palabras clave: Salud forestal, redes ecológicas, umbral trófico, Sierra Madre Occidental

IDENTIFICACIÓN *in silico* DE INHIBIDORES DE ACAT1 COMO ESTRATEGIA PARA MODULAR LA CETÓLISIS EN CONDROSARCOMA SW-1353

Diego Antonio Cervantes Alvarez^{1*}, Ángel Ernesto Bañuelos Hernández¹, Aaron Mendieta Moctezuma²

¹Escuela Nacional de Medicina y Homeopatía, Instituto Politécnico Nacional, Av. Guillermo Massieu Helguera 239, La Purísima Ticomán, Gustavo A. Madero, 07320, Ciudad de México, México, ²Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Instituto Politécnico Nacional, Ex-Hacienda San Juan Molino, Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5, 90700, Santa Inés Tecuexcomac, Tlaxcala, México.

*diegoc002343@gmail.com

Resumen.- El condrosarcoma (CS) comprende un grupo de tumores óseos malignos que producen matriz cartilaginosa. Se caracteriza por su resistencia a la quimioterapia, por lo que CSs de alto grado muestran un pronóstico desfavorable debido al rápido crecimiento y propensión a metástasis. Recientemente, se ha demostrado que el silenciamiento de Acetil-CoA acetiltransferasa 1 (ACAT1, enzima clave en la cetólisis) inhibe la capacidad de proliferación de la línea celular de CS humano SW-1353 en condiciones de estrés nutricional, impidiendo que utilicen β -Hidroxibutirato (β -HB) como fuente alternativa de energía. El objetivo de este estudio fue identificar mediante aproximaciones *in silico*, compuestos químicos con potencial inhibidor de ACAT1, para posteriormente evaluar su efecto *in vitro* sobre el metabolismo de cuerpos cetónicos. Se obtuvo la estructura tridimensional 2IB8 de ACAT1 desde Protein Data Bank (PDB) para la preparación del receptor. Se extrajo la CoA cristalográfica del PDB 2IBY para realizar un acoplamiento molecular en el sitio catalítico de 2IB8 con AutoDock Vina, para obtener energías de referencia. Se recuperaron 20,503 compuestos de la biblioteca en línea PubChem con similitud estructural a Acetoacetil-CoA, de los cuales se seleccionaron aquellos con sistemas α,β -insaturados, para tener un total de 224, mismos que fueron sometidos a acoplamiento molecular con 2IB8. Se identificaron diversos compuestos candidatos con afinidades comparables o superiores al ligando de referencia CoA. Se posicionaron dentro del sitio catalítico, sugiriendo una orientación compatible con la inhibición de la enzima. Además, la proximidad del carbono β (C β) del sistema α,β -insaturado de los compuestos hacia el átomo de azufre (SG) del residuo catalítico Cys126 es comparable a la observada para el ligando de referencia (CoA). Estos compuestos representan candidatos potenciales como inhibidores de ACAT1 para su evaluación *in vitro* sobre el metabolismo de cuerpos cetónicos en células de CS humano SW-1353.

Palabras clave: Condrosarcoma, ACAT1, cetólisis, acoplamiento molecular, inhibidores.

PRODUCCIÓN Y APLICACIÓN DE BIOPOLÍMEROS CON ACTIVIDAD SURFACTANTE DE MICROORGANISMOS AUTÓCTONOS DE RÍO LAGARTOS, YUCATÁN MÉXICO.

Eduardo Quitzé Vivanco Núñez¹, Jorge Yáñez Fernández², Blanca Estela Barragán Huerta^{1*}

¹Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Wilfrido Massieu 399, Gustavo A. Madero, Nueva Industrial Vallejo, 07738 Ciudad de México, Mexico, ²Centro de Investigación en Ciencia Aplicada y Tecnología Avanzada, Calzada Legaria 694, Col. Irrigación 11500, Miguel Hidalgo, Ciudad de México

*bbarraga59@yahoo.com

Resumen. – En los últimos años, ha crecido el interés por el estudio y la aplicación de biosurfactantes debido a sus propiedades favorables frente a los surfactantes sintéticos, entre las que destacan su biodegradabilidad, baja toxicidad y estabilidad funcional bajo condiciones extremas. Partiendo de muestras de agua y sedimento de las salinas de la Reserva de la Biosfera Ria Lagartos se identificaron tres cepas bacterianas con actividad emulsificante: L1 y L2 y L3, siendo esta última la más destacada por su capacidad para reducir la tensión superficial del medio hasta valores cercanos a 40 dyn/cm, comportamiento típico de compuestos con fuerte acción surfactante. La actividad emulsificante de las tres cepas fue alta, alcanzando porcentajes de emulsificación del 95% (E₂₄).

La cepa L2 fue seleccionada para un análisis más profundo. Se separaron sus fracciones extracelular e intracelular para su caracterización fisicoquímica, observándose diferencias en las propiedades de emulsificación y de disminución de la tensión superficial de cada una de las fracciones. La fracción extracelular fue evaluada mediante cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas con tiempo de vuelo (TOF LC-MS). Por otro lado, la fracción intracelular fue caracterizada mediante cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas (GC-MS), espectroscopía infrarroja por transformada de Fourier (FTIR), microscopía electrónica de barrido con espectroscopía de dispersión de energía (SEM-EDS) y cromatografía de permeación en gel (GPC). Los resultados indicaron la presencia de un biopolímero de alto peso molecular con propiedades similares a los polihidroxialcanoatos. Con el fin de evaluar el potencial biotecnológico de estos compuestos, se realizaron ensayos de actividad antifúngica mediante confrontación directa y métodos de tipo “poisoned food”. La fracción extracelular mostró actividad contra hongos fitopatógenos; se observó una inhibición del crecimiento de *Fusarium* sp. y *Curvularia* sp. con porcentajes de inhibición de 68% y 50%. Se diseñaron sistemas tipo biorreactor para la producción y recolección de las fracciones con actividad surfactante, tomando como referencia parámetros fisicoquímicos medidos *in situ*. Se determinó que un pH cercano a la neutralidad es un factor crítico para la síntesis eficiente de los compuestos de interés.

Palabras clave: Microorganismos halófilos, biosurfactantes, fitopatógenos, polihidroxialcanoatos, actividad emulsificante.

CAPACIDAD DE BIOCONTROL DE *Meyerozyma guilliermondii* LCBG-03 SOBRE PATÓGENOS DE LIMÓN DEL GÉNERO *Penicillium*.

Eliud de la Cruz García¹, José Alberto Narváez Zapata¹, Claudia Patricia Larralde Corona^{1*}

¹Instituto Politécnico Nacional, Centro de Biotecnología Genómica. Blvd. Del Maestro SN, Reynosa C.P.: 88700

*plarralde@ipn.mx

Resumen. – Los frutos cítricos son muy susceptibles a ser infectados por fitopatógenos y se pueden contaminar a través de heridas en la cáscara hechas en diferentes fases como en la recolección, el empaquetado, almacenamiento y transporte. Las principales enfermedades poscosecha en cítricos son moho verde, moho azul y podredumbre agria causadas por *Penicillium digitatum*, *P. italicum* y *Geotrichum citri-aurantii*, respectivamente. Es importante destacar que *P. digitatum* por sí mismo es el hongo causante de aproximadamente el 90 % de las pérdidas poscosecha en cítricos. La levadura *Meyerozyma guilliermondii* ha demostrado ser un antagonista eficaz contra estos y otros patógenos fúngicos en diversos frutos, destacándose por su inocuidad y seguridad para el consumo humano. En este trabajo, se realizó la confrontación *in vitro* de dos especies de *Penicillium* (*P. digitatum* EFI y *P. funiculosum* H38) con la levadura *Meyerozyma guilliermondii* LCBG-03 -provenientes del banco de cepas del Laboratorio de Biotecnología Industrial del Centro de Biotecnología Genómica. Posteriormente se realizaron tomas de muestras a diferentes distancias (0, 0.25, 0.5, 1 y 2 cm) medidas a partir de la interacción hongo-levadura para obtener el ARN necesario para estudiar los cambios transcriptómicos en *M. guilliermondii* durante su interacción bipartita con los hongos *Penicillium*. Se descubrió que *P. funiculosum* tiene mayor tasa de crecimiento *in vitro* que *P. digitatum*. Sin embargo, a una concentración de 10^6 UFC/mL, *M. guilliermondii* fue capaz de inhibir el crecimiento de ambos patógenos sin diferencias significativas (prueba HSD de Tukey, $p \leq 0.05$), alcanzando reducciones de crecimiento del 74% para *P. digitatum* y 72% para *P. funiculosum*. Al aumentar la concentración de levadura, también aumentó el porcentaje de inhibición de crecimiento de los dos hongos filamentosos. Además, las muestras recolectadas a diferentes distancias mostraron que ninguno de los hongos sobrevive más allá del punto de inoculación. Se logró extraer ARN de muestras a 0 cm, 0.25 y 0.5 cm de distancia de la competencia y se incluyó un control de levadura sin interacción para realizar el análisis transcriptómico de *M. guilliermondii*.

Palabras clave: *M. guilliermondii*, biocontrol, cítricos, *P. digitatum*



QUIMIOMETRÍA BASADA EN INFRARROJO CERCANO Y MEDIOPARA DETERMINAR PERFILES ASOCIADOS ALORÍGEN GEOGRÁFICO, ESTACIONALIDAD Y ESPECIES DE *Agave* EN MEZCALES DE DURANGO

Fabiola Avila Valenzuela¹, Enrique Herber Pucheta¹, Amanda Alejandra Oliva Hernandez², Rene Torres Ricario¹, Jose Antonio Avila Reyes¹, Isaias Chairez Hernandez¹

¹Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional (CIIDIR), Unidad Durango, Instituto Politécnico Nacional, Sigma 119, 20 de Noviembre II, 34220, Victoria de Durango, MEXICO ²Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Blvd. Del Maestro SN, Narciso Mendoza, 88710, Reynosa, Tamaulipas, MEXICO

*fabiolaavilavalenzuela@gmail.com *enrique.herbertpucheta@gmail.com

Resumen.- Durango, se consolidó en el 2024 como el segundo productor nacional de mezcal artesanal certificado, según el Consejo Mexicano de la Calidad del Mezcal, contribuyendo con el 2.5 % de la producción total □□□ . La producción de mezcal certificado en Durango se limita a un grupo selecto de *Agaves* silvestres y semicultivados, tales como, *Agave duranguensis* (cenizo), *A. angustifolia* (en subvariedades castilla y tepemete), *A. maximiliana* (masparillo), *A. asperima* (lamparillo), *A. americana* (igo'k), *A. salmiana* (verde) por nombrar algunos. Con el uso de la quimiometría en conjunto con análisis espectroscópicos, específicamente en las regiones de infrarrojo medio (MIR: 4000- 400 cm⁻¹ / 2500 – 25,000 nm) y cercano (NIR: 12,000 – 4000 cm⁻¹ / 800 – 2500 nm), han demostrado ser eficaces en la verificación de la autenticidad de los mezcales [2-3]. El presente estudio muestra como estrategia el reconocimiento de señales NIR-MIR para discriminar mezcales de Durango en función de su estacionalidad y la especie de agave empleado. Para ello, se realizó un análisis comparativo de los espectros con y sin el preprocesamiento de primera derivada, empleando herramientas de estadística paramétrica y no paramétrica para determinar la robustez de los modelos de clasificación resultantes. Para que la transformación de datos espectrales en modelos multivariantes sea efectiva, es indispensable un preprocesamiento riguroso. La robustez y el poder predictivo de las herramientas estadísticas aplicadas a grandes conjuntos de muestras dependen directamente de la correcta normalización y el tratamiento previo de las señales. El uso de plataformas web como MetaboAnalyst permitió realizar análisis univariados y multivariados (PCA, PLS-DA), identificar perfiles discriminantes asociados al al origen geográfico, estacionalidad y especies de *agave* en mezcales duranguenses. La metodología mas robusta de análisis comprende una adquisición por NIR reflectancia difusa (DR), MIR por reflectancia total atenuada (ATR), en ambos casos con preprocesamiento de primera derivada (FDS) de los espectros infrarrojo, con análisis estadísticos multivariados de las matrices NIR-DR y MIR-ATR con filtrado de datos y normalización de matriz considerando comportamiento estadístico no paramétrico. Con estos parámetros, la capacidad discriminante de las matrices NIR-DR-FDS y MIR-ATR-FDS a los factores discriminantes deseados oscila o supera el 80%. Los resultados mostraron que la especie es un factor determinante en la identidad química del mezcal y en conjunto con la estacionalidad generan una variación interna distintiva.

Palabras clave: Mezcal, Quimiometría, Infrarrojo, *Agave* spp de Durango.

OBTENCIÓN DE MOLÉCULAS DERIVADAS DE HETEROCICLOS CON POTENCIAL ACTIVIDAD ANTICANCERÍGENA ASOCIADA A LA INHIBICIÓN DE ENZIMAS DE LA GLUCÓLISIS

Gilberto Vargas-Salas¹, Eyrá Liliana Ortiz-Pérez¹, Álvaro Marín-Hernández², Gildardo Rivera¹

¹ Laboratorio de Biotecnología Farmacéutica, Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, 88710, Reynosa, México.

² Departamento de Bioquímica, Instituto Nacional de Cardiología Ignacio Chávez, 14080, Tlalpan, Ciudad de México.

*gvargass2300@alumno.ipn.mx

Resumen.- El aumento en la prevalencia de pacientes diagnosticados con algún tipo de cáncer y la limitada selectividad de los tratamientos actuales que tienden a causar efectos secundarios graves, resaltan la necesidad de desarrollar nuevas estrategias terapéuticas contra el cáncer. En este contexto, la elevada actividad glucolítica de las células cancerígenas es una característica que les permite satisfacer su demanda energética y de esqueletos de carbono para su alta tasa de proliferación, por lo tanto, la glucólisis representa un blanco atractivo para el diseño de agentes anticancerígenos. El objetivo de este trabajo es obtener nuevos compuestos heterocíclicos con actividad antiproliferativa asociada a la inhibición de enzimas de la glucólisis. Para ello, se llevará a cabo un cribado virtual basado en estructura y/o en un farmacóforo y la síntesis química de nuevos compuestos heterociclos con potencial actividad inhibitoria de la gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa (GAPDH), la enolasa (ENO) y la piruvato cinasa (PYK). La actividad inhibitoria de los compuestos obtenidos se evaluará en un ensayo de actividad catalítica de las enzimas GAPDH, ENO y PYK. Posteriormente, se evaluará la actividad antiproliferativa de los mejores compuestos en líneas celulares humanas de cáncer de mama (MCF-7 y MDA-MB-231) y cervicouterino (HeLa). Además, la actividad citotóxica de los compuestos se determinará en células no tumorales humanas (MCF-10A). Los compuestos con mejor actividad biológica serán evaluados en un modelo murino de cáncer de acuerdo con la NOM-062-ZOO-1999. Hasta el momento, doce compuestos que contienen los bloques sulfonamida-triazol obtenidos por síntesis química y cuarenta derivados de 1,2,3-triazina 1-óxido se seleccionaron como potenciales agentes antiproliferativos. Los compuestos derivados de sulfonamida-triazol presentaron una baja actividad antiproliferativa (<85% a 50 μ M), sin embargo, los compuestos derivados de 1,2,3-triazina 1-óxido tuvieron una mejor actividad antiproliferativa, con valores de inhibición >90% a una concentración de 50 μ M. Estos resultados preliminares permiten identificar a los derivados de 1,2,3-triazina 1-óxido como potenciales agentes anticancerígenos que serán evaluados sobre enzimas de la glucólisis para determinar su posible mecanismo de acción.

Palabras clave: cáncer, glucólisis, síntesis química, *in silico*

BIO HYDROGEN PRODUCTION BY DARK FERMENTATION FROM PRUNING WASTE PRETREATED WITH *Trametes versicolor*

Hadia Akber Samoo^{*1}, Celestino Odín Rodríguez Nava¹

Instituto de Politécnico Nacional, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Unidad Profesional Adolfo López Mateos, Zacatenco, Av. Wilfrido Massieu 399, Col. Nueva Industrial Vallejo, C.P. 07738 Alcaldía Gustavo A. Madero CDMX.México.

*Correo del autor principal: hsamoo2500@alumno.ipn.mx

Resumen.

This study aims an integrated approach for production of bio-hydrogen from lignocellulosic pruning waste by using biological pretreatment by white rot fungus *Trametes versicolor*, followed by dark fermentation and anaerobic digestion. Additionally, reliable analytical methods for determination of the substrate composition and for optimization of the process were elaborated. Solid-state fermentation of pruning waste by *Trametes versicolor* was performed in 500 mL flasks with 10 g of 2 mm particle size of pruning waste, inorganic medium and four g⁻¹ of fungal pellets. Reducing sugars were determined with the DNS method. The subsequent dark fermentation and anaerobic digestion were carried out in batch reactors. Biogas composition was determined using Gow-Mac Series 560 gas chromatograph with Argon 4.7 as a carrier gas at column temperature of 60 °C and detector temperature of 119 °C. The individual hydrogen peaks were processed with N2000 software. Semi-continuous reactor operation was used to determine maximum organic loading rate (OLR_{max}) of the process. Metagenomics approach was applied for bacterial community identification. The substrates were analyzed with ion exchange chromatography on an anion exchange resin. Before the chromatographic separation, gradients of NaCl in acetate buffer, pH 5.0 were used. Separated sugars were identified and quantified with HPLC and TLC. Different retention time were observed in chromatograms for glucose at 3.38-3.40 minutes, arabinose at 4.40-4.45, xylose at 7.15-7.20 minutes, galactose at 8.75-8.78 minutes, mannose at 12.55 minutes and sucrose at 9.89 minutes. Based on the results of sugar profiling, Ion exchange chromatography revealed that pruning waste is suitable for fermentation after biological pretreatment. Release of and consumption patterns of various sugars were significantly affected by solid-state fermentation by *Trametes versicolor*. By this biological approach, up to 20–40% increase in hydrogen yields is obtainable as compared to corresponding untreated substrates. Glucose and sucrose were preferentially consumed followed by other sugars that were subsequently fermented to production of acetate and butyrate as major products. Optimized process condition led to specific hydrogen production of 150–200 mL H₂/gVS. The integrated strategy consisting of fungal pretreatment by *Trametes versicolor*, dark fermentation and anaerobic digestion, and based on robust tools like ion exchange chromatography, HPLC and TLC, has potential for practical implementation for conversion of pruning waste into bio hydrogen.

Palabras clave: Bio hydrogen, dark fermentation, pruning waste, *Trametes versicolor*.

DEGRADACIÓN DE PROPRANOLOL EN SOLUCIÓN ACUOSA MEDIANTE UN REACTOR FOTOLÍTICO UBE BAJO RADIACIÓN UV-C

Irma Carolina Torrecillas-Rodríguez^{1*}, Cynthia Manuela Núñez-Núñez², José Bernardo Proal -Nájera³

^{1,3}Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional – IPN Unidad Durango, Sigma 119, 20 de noviembre II, 34220 Durango, Dgo., ²Universidad Politécnica de Durango, Carretera México Km. 45, Los Encinos, 34307 Durango, Dgo.

*itorrecillasr1800@alumno.ipn.mx

Resumen. - Con el paso del tiempo la presencia de fármacos en cuerpos de agua (océanos, ríos, lagos, etc.) se ha hecho cada vez más evidente. Pese a que se encuentran en concentraciones relativamente bajas (ng/L – mg/L) se les considera contaminantes emergentes ya que su composición química los convierte en compuestos recalcitrantes, lo que les confiere el poder de alterar e impactar negativamente el ambiente. Al ser la hipertensión una de las enfermedades más comunes en el mundo, los medicamentos antihipertensivos (β -bloqueadores) son consumidos por millones de personas diariamente en dosis que van desde 1 mg hasta 100 mg al día. Propranolol (PRO) es un fármaco β -bloqueador cuya presencia en ciertos organismos acuáticos ya ha sido documentada, ocasionando alteraciones en su desarrollo, reproducción e incluso la muerte (*Thamnocephalus platyurus*, LC_{50} 24 h, 3.86 mg/L). Debido a que los métodos actuales de tratamiento de agua residual no son efectivos para remover fármacos, se han desarrollado métodos alternativos como los procesos de oxidación avanzada (POA's) dentro de los cuales se encuentra la fotólisis ultravioleta (FL-UV) capaces de degradar contaminantes emergentes hasta su mineralización.

La degradación del fármaco comercial PRO se realizó en el Centro de Investigación y Desarrollo Tecnológico del Agua (CIDTA) en la Universidad de Salamanca, España empleando un reactor UBE el cual contiene en su interior una lámpara UV-C ($\lambda = 254$ nm). Se prepararon 50 L de solución acuosa con concentración de 5 mg/L de PRO. Cada experimento duró 90 minutos y se tomaron muestras en los siguientes tiempos de reacción: 0, 5, 10, 15, 20, 30, 45, 60 y 90 minutos para determinar la variable de respuesta (Absorbancia). Asimismo, los experimentos de degradación se llevaron a cabo con dos valores de pH distintos (5.5 y 6.8) y en presencia (1.5 mM) y ausencia de H_2O_2 , con la finalidad de optimizar el proceso de degradación y comparar los resultados. El análisis de las muestras se llevó a cabo mediante espectrofotometría UV-vis, efectuando un barrido de 220 nm a 320 nm, considerado para abarcar el pico de absorbancia característico de PRO (292 nm). El mejor porcentaje de degradación de PRO fue 66% bajo pH ácido (5.5) y con adición de 1.5 mM de H_2O_2 , seguido de un 34% de degradación bajo el mismo pH, pero sin H_2O_2 . Por otro lado, los experimentos realizados bajo pH de 6.8 (pH natural de la solución) obtuvieron degradación de PRO ineficiente, con solo el 11% de degradación (con 1.5 mM H_2O_2) y sin degradación en ausencia de H_2O_2 . Los resultados destacan que el uso de un agente oxidante (como el H_2O_2) optimiza la remoción de contaminantes emergentes en solución acuosa debido al incremento de reacciones de reducción-oxidación (redox) que son indispensables para la degradación de contaminantes emergentes tales como el PRO.

Palabras clave: Propranolol, Contaminantes emergentes, β -bloqueadores, POA's, Fotólisis.

ESTUDIO ESTRUCTURAL DE ISOFORMAS DE TRIPSINA DIGESTIVA DE CAMARÓN *Penaeus vannamei*.

Isabel Martínez Rocha¹, Juan Carlos Sainz Hernández^{1*}, Claudia Guadalupe Benítez Cardoza², Jesús Arturo Fierro Coronado¹, Claudia Castro Martínez¹, Herveý Rodríguez González¹

¹Instituto Politécnico Nacional CIIDIR Unidad Sinaloa, Bulevar Juan de Dios Bátiz Paredes #250, Colonia San Joachin Guasave, Sinaloa, México, ²Instituto Politécnico Nacional ENMH Guillermo Massieu Helguera número 239, Fraccionamiento La Escalera, Ticomán, C.P. 07320, alcaldía Gustavo A. Madero, Ciudad de México.

jsainz@ipn.mx

Resumen. - El camarón *Penaeus vannamei* presenta tres isotripsinas (tripsina 3.4.21.4.) que son expresadas en la glándula digestiva. Ellas son generadas por dos genes; la isotripsina monomórfica CC que es traducida del gen β , la expresión de este gen esta fijo y se manifiesta en los tres genotipos. El segundo gen, el gen α que puede generar una isotripsina heteromorfa BA o monomorfo BB o AA. La expresión de estos genes produce los genotipos de la tripsina digestiva CBA, CB y CA. Se investigó la estructura poblacional de estos organismos y se logró detectar la frecuencia más alta de población con fenotipo CBA 50%, seguida por CB 25%. El fenotipo CA se detectó en las primeras etapas de cultivo, sin embargo, no se detectaron en organismos con peso corporal mayor a 5 g. El estudio concluyó que la población natural es similar a la de acuicultura. Por lo tanto, los organismos que tienen el fenotipo CA mueren independientemente del medio en el que crecen, evidenciando que el gen α expresado de manera monomórfica en su alelo A es deletéreo. Se analizaron dos aspectos en este fenómeno: determinar las diferencias en la estructura entre isoformas y evaluar la estabilidad de cada una de ellas (C, B y A). Se evaluó la estabilidad conformacional mediante la técnica de dicroísmo circular bajo perturbación con variantes de pH y gradientes de temperatura 5 – 90 °C y espectroscopia de fluorescencia. Se realizó secuenciación de péptidos mediante espectrometría de masas y modelado de secuencias utilizando la plataforma YASARA. Las tres isoformas mostraron estructuras secundarias dominadas por hebras β . La isoforma A presento desestabilización temprana a pH fisiológico. El análisis de secuencias mostro una sustitución puntual de residuo (Leu $\rightarrow$ Asp) que muestra importancia, ya que su ubicación es de unión a sustrato y con implicación directa en función de la enzima tripsina. Nuestro proyecto puede proveer de fortalezas en la toma de decisiones en la producción acuícola. Podemos evitar la pérdida del 25% de la producción camarónica.

Palabras clave: Isotripsina, acuicultura, estabilidad conformacional, dicroísmo circular.

DISEÑO DE UN DETECTOR C4D-FT PARA EL ANÁLISIS DE COMPUESTOS EN BAJAS CONCENTRACIONES

Jaime Manuel Castañeda Sánchez^{1*}, Ignacio Villanueva Fierro¹, Raúl Jacobo Delgado Macuil²

¹Instituto Politécnico Nacional CIIDIR Durango, Sigma #119 Fracc. 20 de Noviembre II, 34220, Durango, Dgo., México. 6181236546, ²Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Ex-Hacienda San Juan Molino Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5 Tlaxcala C.P. 90700, México.

*jaime_cas.91@outlook.com

Resumen.- Este proyecto presenta el desarrollo de un detector de conductividad sin contacto acoplado capacitivamente (C4D) mejorado, como método de análisis de compuestos en bajas concentraciones. La investigación se centró en implementar mejoras a nivel hardware, como la construcción de una jaula de Faraday que envuelva el detector para aislar la señal de interferencias electromagnéticas y la utilización de electrodos de plata que garantizan mayor conductividad, así como también se implementaron mejoras en el procesamiento digital de señales utilizando una metodología basada en el lenguaje de programación Python, que incluyó técnicas de filtración digital, amplificación mediante procesamiento de la señal, se aplicó la Transformada de Fourier (FFT) para aislar la señal útil del ruido y se implementaron técnicas de análisis de lock-in por software para aumentar aún más la relación señal-ruido, logrando detectar y cuantificar concentraciones mucho más bajas que las alcanzadas con detectores sin estas mejoras.

Los resultados experimentales evidenciaron la capacidad del detector mejorado para identificar soluciones de NaCl en concentraciones desde 10 ppb hasta 2 ppm. Las mediciones crudas mostraron señales muy ruidosas, pero tras la filtración digital y la aplicación de la FFT, la señal se estabilizó significativamente, permitiendo la detección confiable del analito. Comparando con mediciones en estado crudo, la relación señal-ruido mejoró hasta 50 veces, logrando evidenciar claramente la presencia de NaCl a dichas concentraciones. Dicho avance permite suponer que este enfoque puede extenderse a la detección de otro tipo de compuestos en bajas concentraciones y que debido a las características del C4D, pueda llegar a funcionar como detector universal.

Palabras clave: C4D, transformada de Fourier, análisis en bajas concentraciones.

FORMULACIONES DE HONGOS ENTOMOPATÓGENOS PARA EL CONTROL DE *Scirtothrips dorsalis* EN ARÁNDANO AL NORTE DE SINALOA

Jesús Uriel Hernández Armenta^{1*}, Cipriano García Gutiérrez¹, Mario Alberto Miranda Salcedo², Marco Antonio Magallanes Tapia¹, Cesar Marcial Escobedo Bonilla¹ y Jesús Lucina Romero Romero¹

¹Instituto Politécnico Nacional. COFAA. Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional (CIIDIR), Unidad Sinaloa. Blvd. Juan de Dios Bátiz Paredes 250, Col. San Joachin, Guasave, Sinaloa, México, C. P. 81100

²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). Campo Experimental Valle de Apatzingán, km 17.5 de la Carretera Apatzingán. Cuatro Caminos, Antúnez, Michoacán, C. P. 60781

*biologouriel@gmail.com

Resumen.- *Scirtothrips dorsalis* es la especie de trips más importante de arándano en Sinaloa, causa daño en pétalos, hojas y frutos reduciendo la producción de cultivo. La utilización de bioinsecticidas con hongos entomopatógenos pueden controlar a esta plaga. El objetivo del estudio fue evaluar la mortalidad en base al tiempo letal medio (LT₅₀) de *S. dorsalis* utilizando formulaciones de hongos entomopatógenos (*Cordyceps fumosorosea*, *Metarhizium anisopliae* y *Beauveria bassiana*) solos y en formulaciones con melaza, lecitina de soya y aceite mineral en concentraciones de 1×10^7 , 1×10^8 y 1×10^9 esporas/ml. Se llevó a cabo el diseño experimental en grupos de 10 trips con tres repeticiones por tratamiento in vitro a 28 ± 2 °C a un fotoperiodo de 10:14 horas luz-oscuridad con $60 \pm 10\%$ humedad relativa. La mortalidad se registró diariamente durante 6 días. Los hongos sin formular y formulados causaron 100% de mortalidad a los 6 y 4 días respectivamente. Los tratamientos formulados presentaron el LT₅₀ de 48 hrs y las mejores formulaciones se encontraron utilizando una curva dosis respuesta donde *M. anisopliae* a una concentración de 1×10^7 con lecitina de soya y 1×10^8 con aceite mineral; *B. bassiana* a 1×10^7 con lecitina de soya y 1×10^8 con aceite mineral; *C. fumosorosea* a 1×10^8 para lecitina de soya y melaza. Por el contrario, los tratamientos sin formular obtuvieron el LT₅₀ de 96 hrs. Los resultados de esta investigación indican que la adición de lecitina de soya y aceite mineral en *M. anisopliae* y *B. bassiana* coadyuva la acción de los hongos entomopatógenos, asimismo lecitina de soya y melaza favorece el efecto insecticida de *C. fumosorosea*. En conclusión, las formulaciones con los hongos entomopatógenos reducen el tiempo para lograr el control de *S. dorsalis* de arándano en laboratorio.

Palabras clave: *Scirtothrips dorsalis*, Arándano, *Cordyceps fumosorosea*, *Metarhizium anisopliae*, *Beauveria bassiana*.

ÁCIDO FÓLICO Y AMINOÁCIDOS EN LA DIETA DE CAMARÓN Y SU EFECTO EN EL CRECIMIENTO

Jose Alonso Medina Parra^{1*}, Píndaro Álvarez Ruiz¹, Miguel Ángel Reyes López²

¹Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional (CIIDIR-Sinaloa), Bulevar Juan de Dios Bátiz Paredes #250, Col. San Joachin, en Guasave, Sinaloa, México C. P. 81045, ²Centro de Biotecnología Genómica (CBG), Boulevard del Maestro SN, esquina con calle Elías Piña, Colonia Narciso Mendoza, Reynosa, Tamaulipas, México, C. P. 88710

jmedinap2000@alumno.ipn.mx

El camarón *Penaeus vannamei* es una de las especies acuícolas de mayor importancia económica a nivel mundial, cuya producción ha aumentado año con año gracias a las prácticas de manejo y a los alimentos enriquecidos suministrados, cuyo balance de vitaminas y aminoácidos promueve la salud y el crecimiento. No obstante, Los cultivos pueden ser afectados por enfermedades bacterianas, como la necrosis aguda del hepatopáncreas (AHPND) causada por *Vibrio parahaemolyticus*. En este contexto, El camarón atenúa estos efectos mediante la regulación transcripcional de genes inmunes; el objetivo fue determinar el efecto de dietas experimentales suplementadas con ácido fólico, glicina (Gly), glutamina (Glu) y ácido aspártico (Asp) sobre el crecimiento y la defensa del camarón contra AHPND. Se formularon 14 dietas experimentales y una dieta base (control), suplementadas con ácido fólico (2 µg/g) y diferentes concentraciones y combinaciones (2.5 y 25 mg/g) de Glu, Gly y Asp; como primera fase, camarones de 5g fueron distribuidos en 15 acuarios de 40 L con agua marina a 25 UPS (8 camarones/acuario) y alimentados durante 14 días. Se evaluó por PCR la expresión de genes de crecimiento (ATP-e, CH3, PEPCK, IGF1, PK, SGK, HK, GLU, AGL, AKT, TOR, PI3K) en hepatopáncreas de 6 organismos por acuario. Los tratamientos con mejor respuesta (Gly 2.5, Asp 2.5 y Gly+Asp 2.5) se seleccionaron para una segunda fase, junto con el control, por triplicado. Se utilizaron 12 tanques de 150 L con 10 organismos/tanque, alimentados durante 45 días. Al final, se recolectaron 24 organismos/tratamiento: 6 para análisis de expresión de genes de crecimiento (AKT, TOR, ATP-e, IGF1, PEPCK, PI3K) y 18 para un desafío con *V. parahaemolyticus* AHPND. En el desafío, se tomaron muestras de branquias de 6 organismos por tratamiento a las 0, 6 y 12 hpi para evaluar genes inmunes (MNK, SR, GILT, CTL-3, ALFP). El tratamiento T4 (Gly+Asp 2.5 mg/g) indujo la mayor sobreexpresión de genes de crecimiento como AKT, TOR e IGF1, sugiriendo activación de la vía de señalización de insulina y síntesis proteica. En contraste, el T2 (Gly 2.5 mg/g) promovió un mayor incremento en peso corporal, indicando que la glicina sola podría favorecer el crecimiento somático. Respecto a la respuesta inmune, el T4 también destacó incrementando la expresión de genes como ALFP y CTL-3 a las 12 hpi, reflejando una mayor capacidad de defensa contra *V. parahaemolyticus*. Los resultados respaldan estudios previos que muestran beneficios de los aminoácidos en la inmunomodulación de crustáceos. La combinación de glicina y aspartato, junto con ácido fólico, podría potenciar tanto el crecimiento como la resistencia a enfermedades, ofreciendo una estrategia nutricional prometedora para el cultivo de camarón. Futuros estudios deberían evaluar dosis óptimas y efectos a largo plazo en condiciones de campo. La suplementación con ácido fólico y la combinación de Gly+Asp a 2.5 mg/g de alimento mejora la expresión de genes de crecimiento (AKT, TOR) e inmunidad (ALFP, CTL-3) en camarón, asociándose a mayor peso y resistencia a *V. parahaemolyticus*. Estos hallazgos destacan el potencial de estas dietas para optimizar la salud y productividad en acuicultura.

Palabras clave: Camarón, acuicultura, aminoácidos, vitaminas, crecimiento

DESARROLLO DE SOLUCIONES COLOIDALES DE NPsAg-EXTRACTOS METANÓLICOS DE PLANTAS TAMAULIPECAS CON ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE Y ANTIPROLIFERATIVA

José Efraín Caballero Chávez¹, Diana Victoria Navarrete Carriola¹, Alma Delia Paz González¹, Fabiola Eloísa Jiménez Montejo², Gildardo Rivera Sánchez^{1*}

¹ Laboratorio de Biotecnología Farmacéutica Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Blvd. Del Maestro SN, 88710 Reynosa, Tamaulipas

² Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Instituto Politécnico Nacional Ex-Hacienda San Juan Molino Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5, Tlaxcala C.P. 90700, Mexico

*giriveras@ipn.mx

Resumen: Las plantas biosintetizan metabolitos secundarios (glucósidos, terpenoides, alcaloides y polifenoles) que se extraen a partir de distintos métodos y solventes, pudiendo tener diversas bioactividades. Por otra parte, en Tamaulipas se registran 2,388 especies nativas, mayoritariamente Magnoliophyta (2,170), junto a Gymnospermae, Monilophyta, Lycophyta, Bryophyta, Chlorophyta y Rhodaria. Debido a esta amplia biodiversidad florística, se seleccionaron especies representantes de cada grupo: *Centroceras clavulatum*, *Ulva flexuosa*, *Marchantia inflexa*, *Selaginella lepidophylla*, *Thelypteris ovata*, *Equisetum myriochaetum*, *Dioon angustifolium*, *Taxodium mucronatum*, *Beaucarnea recurvata* y *Magnolia alejandrae* para la obtención de extractos metanólicos con el objetivo de elucidar su perfil fitoquímico, evaluar su actividad antioxidante, antiproliferativa y biocatalizadora para la síntesis de nanopartículas de plata. Las colectas se realizaron en Los San Pedros, Los Troncones y La Pesca durante noviembre de 2025, enero de 2026 y febrero de 2026, respectivamente. De cada especie se calculó el porcentaje de humedad y se realizaron extractos metanólicos por medio de los métodos de maceración, ultrasonificación y soxhlet, calculando el rendimiento de extracción. La identificación molecular se llevará a cabo con el protocolo de extracción de ADNg QIAGEN DNeasy Plant, amplificándose por medio de PCR (*primers* ITS1/ITS4) y el alineamiento se realizará a través de BLAST. Para el análisis fitoquímico, se empleará el equipo UPLC-MS QDA® Waters, columna ACQUITY UPLC CORTECS® C18 1.6 µm 3 x 100 mm. Los pesos moleculares se contrastarán con los ya reportados en la base de datos LOTUS para cada género de plantas. La actividad antioxidante se evaluará por medio de los métodos DPPH y ABTS. Posteriormente, la actividad antiproliferativa se evaluará sobre las líneas celulares cancerosas HeLa, MCF-7 y MDA-MB-231. Los extractos con el mejor IC₅₀ se seleccionarán como biocatalizadores para la síntesis de NPsAg a partir de AgNO₃ como sustrato. Los resultados preliminares determinan que el porcentaje de humedad de los órganos vegetales varía entre 7.7% (corteza de *T. mucronatum*) y 63.7% (Hoja de *M. alejandrae*), mientras que el rendimiento de extracción oscila entre 5 y 15% para maceración, 10 y 21% para ultrasonido. El método de ultrasonido ha demostrado ser más eficiente que la maceración convencional, alcanzando rendimientos de extracción de hasta el 21% (hoja de *T. mucronatum*). Este trabajo sienta las bases para la identificación de perfiles quimiotaxonómicos específicos.

Palabras clave: Extractos, Plantas, Fitoquímica, Nativo.

IDENTIFICACIÓN DEL CONSORCIO MICROBIANO A TRAVÉS DE HERRAMIENTAS MOLECULARES EN UN SISTEMA DE TRATAMIENTO DE VINAZAS

Kimberly Janeth Galindo González^{1*}, Marco Antonio Garzón Zuñiga¹, Carlos Galaviz Hernández¹, Martha Guadalupe Sosa Macías¹, José Alberto Narváez Zapata², Juan Manuel Vigueras Cortés¹

¹Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional (IPN-CIIDIR Unidad Durango). Sigma 119, Col. 20 de Noviembre II, 34220, Durango, Dgo.

²Centro de Biotecnología Genómica (CBG) del IPN, Blvrd del Maestro S/N, esq Elías Piña, Col. Narciso Mendoza, 88700. Reynosa, Tamaulipas.

*kgalindog2500@alumno.ipn.mx, mviguer@ipn.mx

Resumen. - El mezcal se ha convertido en un desarrollo económico del país debido a la expansión en el mercado nacional e internacional aceptado en más de 90 países. Durante el proceso de elaboración se genera un residuo líquido ácido y recalcitrante agresivo para el ambiente conocido como vinazas, que ocasiona una problemática ambiental, ya que contamina cuerpos receptores cuando son vertidos sin tratamiento. En esta investigación se estudiará su tratamiento con biofiltros anaerobios (BF) con empaque orgánico e inorgánico, que tienen múltiples beneficios por bajos costos de operación, eficientes en la remoción de materia orgánica y producción de biocombustible. Debido al poco conocimiento de la composición de población microbiana responsable de la degradación de vinazas de mezcal artesanal se plantea como objetivo central identificar la comunidad microbiana (biopelícula) desarrollada en el proceso de biofiltración en tres etapas: la primera será después de alcanzar la etapa de acondicionamiento, las dos siguientes después de modificar la carga orgánica volumétrica con al menos dos cargas hidráulicas superficiales a través de la co-digestión de la mezcla vinaza-agua residual empleando dos biofiltros, uno empacado con astillas de mezquite y el segundo piedra volcánica (tezontle). La biopelícula desarrollada en el material de empaque se identificará en tres secciones de diferentes alturas en cada biofiltro través del análisis metagenómico del gen 16S RNA por secuenciación de última generación para así llevar a cabo una identificación del consorcio microbiano. A través de dendogramas y porcentaje de similitud, y comparación con bibliotecas se determinarán los géneros y especies que componen la comunidad microbiana. Además, se hará la comparación de la biopelícula entre los materiales filtrantes en las diferentes etapas del proceso, identificando la abundancia de especies que remueven contaminantes de vinazas. A lo largo de la investigación se evaluará la remoción de materia orgánica medida por la DQO y DBO₅ así como la generación del biocombustible (metano) bajo condiciones controladas de temperatura mesofílica. Finalmente, se evaluará la producción de biocombustible y determinar si las diferencias en el consorcio bacteriano durante los cambios operativos del sistema están relacionadas con dicha producción. Los resultados darán pauta para futuras investigaciones en la producción de consorcios específicos para mejorar, a través del escalamiento del proceso, la eficiencia del tratamiento de vinazas de mezcal artesanal en apoyo a productores de nuestro país.

Palabras clave: material metagenómico, comunidad microbiana, biofiltración anaerobia



DISTRIBUCIÓN FILOGENÉTICA DE *Campylobacter* spp. MULTIRRESISTENTE EN LA PRODUCCIÓN DE CARNE BOVINA

Kristell Amairany Rodríguez Chávez¹, Jose Vazquez Villanueva², Virgilio Bocanegra García^{1*}

¹Centro de Biotecnología Genómica IPN, Blvd. Del Maestro SN, Narciso Mendoza, 88710 Reynosa, Tamps. ²Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia UAT, Km. 5 Carretera Cd. Victoria – Cd. Mante Ejido Santa Librada, 87000 Cd. Victoria, Tamps.

*vbocanegra@ipn.mx

Resumen.- *Campylobacter* spp. es un patógeno gastrointestinal presente en animales de sangre caliente y se considera una de las cuatro principales causas mundiales de enfermedad diarreica en humanos (campilobacteriosis) que incluso puede derivar complicaciones como el síndrome de Guillain- Barré, por lo cual, esta bacteria puede actuar como un contaminante en alimentos, particularmente en distintos tipos de carne, representando un problema para la salud pública. Si bien, la mayoría de las cepas ocasiona infecciones tratables con síntomas leves como vómito o diarrea, algunas de ellas pueden desarrollar resistencia a antibióticos, complicando el tratamiento de la infección y llegando incluso a la muerte del paciente. Por tal motivo, *Campylobacter* spp. transmitida en alimentos representa un riesgo relevante para la salud pública, especialmente cuando se trata de cepas multirresistentes, sin embargo, a pesar de ser una problemática mundial, en México existen pocos estudios sobre la presencia de *Campylobacter* spp. en alimentos. Por lo que el objetivo de este trabajo es determinar la prevalencia de cepas *Campylobacter* spp. multirresistente y su distribución filogenética en la cadena productiva de carne de res en Tamaulipas. Para lo cual se realizará un muestreo durante 12 meses en la cadena productiva de carne de res, considerando 4 puntos de interés: muestras fecales del ganado, muestras de la canal, superficies del rastro y carne de res como producto final. Posteriormente se realizará un aislamiento e identificación de *Campylobacter* spp. utilizando un medio selectivo llamado CHROMagar™ *Campylobacter* y VITEK 2 para la identificación de especie. Teniendo la especie confirmada, se realizará una prueba de susceptibilidad a antibióticos a cada una de las cepas mediante el método de difusión en placa (Kirby-Bauer) siguiendo los criterios del CLSI y EUCAST. Asimismo, se buscará detectar 13 factores de virulencia relevantes en salud pública mediante la técnica PCR, además, se identificará el viruloma y resistoma de cepas multirresistentes y se analizará su distribución filogenética para entender el origen de las cepas multirresistentes. Como conclusión, este estudio aportará bases científicas para futuras investigaciones sobre *Campylobacter* spp. multirresistente en alimentos y su potencial riesgo para la salud pública, además, permitirá identificar puntos críticos de contaminación en la cadena productiva de carne de res.

Palabras clave: *Campylobacter* spp, seguridad alimentaria, resistencia a antibióticos.

ACTIVACIÓN Y ACLIMATACIÓN DE INÓCULO PARA PRODUCCIÓN DE BIOCOMBUSTIBLES EN DOS ETAPAS CON VINAZAS DE MEZCAL

Leticia Guadalupe Ríos Núñez^{1*}, Blanca Estela Barragan Huerta², Edson Baltazar Estrada Arriaga³, Juan Manuel Vigueras Cortés¹, Marco Antonio Garzón Zúñiga^{1*}

¹Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional (CIIDIR), Unidad Durango, Durango, México. ²Escuela Nacional de Ciencias Biológicas (ENCB), Unidad Zacatenco, Ciudad de México, México, ³Instituto Mexicano de Tecnología del Agua (IMTA), Jiutepec, Morelos, México.

*mgarzon@ipn.mx, lriosn2500@alumno.ipn.mx

Resumen. -El presente trabajo evaluó la etapa de activación y aclimatación de lodos anaerobios para el tratamiento de vinazas de mezcal de *Agave durangensis*, en dos reactores tipo SBR independientes para fermentación oscura (FO) y digestión anaerobia (DA) ambos operados a $35^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$, con un volumen operativo de 1.5 L. El inóculo empleado consistió en lodo proveniente de la etapa anóxica de la PTAR Sur en Durango, Dgo. El reactor FO se operó a un pH de 5.5 ± 0.2 , el inóculo recibió un pretratamiento térmico (105°C , 24h), para seleccionar bacterias esporuladas. La activación del inóculo se realizó en el reactor FO (Etapa 0) con 1% de vinaza y 2 g/L de glucosa y posteriormente se aclimato en tres etapas con incrementos graduales de vinaza (15%, 40% y 65% v/v) y reducciones de glucosa (0.5, 0.125 y 0.05 g/L), con el objetivo de favorecer la adaptación progresiva del consorcio microbiano a los compuestos tóxicos y carbohidratos presentes en la vinaza, cada etapa en el reactor FO se operó en 3 ciclos de 3 días. Por otro lado, el reactor DA fue operado a un pH de 7.0 ± 0.2 , el inóculo se utilizó sin pretratamiento tras 48 h de atemperado para preservar la actividad metanogénica, pasando directamente a las tres etapas de aclimatación bajo las mismas concentraciones de vinaza y glucosa que en el reactor FO, en 3 ciclos de 6 días cada etapa. Los resultados mostraron que en el reactor DA se alcanzó una eficiencia de remoción de DQO de 60.2% durante la etapa 1. Sin embargo, al incrementar la carga orgánica al 65% (Etapa 3) la eficiencia de remoción se mantuvo entre un 10 -15% lo que sugiere un efecto inhibitorio asociado a la composición tóxica de la vinaza, por otro lado, la producción de biogás mostro una tendencia ascendente, alcanzando valores acumulados de 2190 mL por ciclo en la Etapa 2, con picos diarios de hasta 1300 mL/día, lo que indica una adaptación progresiva del consorcio metanogénico. En cuanto a los AGVs del DA, se observó que, a pesar de su alta carga orgánica, el sistema mantuvo la capacidad de asimilación de los ácidos grasos producidos. En el reactor de FO, desde su etapa de activación se observó el incremento en la generación y acumulación (AGVs), registrando incrementos de hasta 1051 mg/ L AGV's en la etapa del 40% de vinaza y una producción de biogas de hasta 1500 mL/ día en la Etapa 3, lo que indica una actividad fermentativa activa, adicionalmente presento remoción de DQO de hasta 3300 mg/L, lo que indica que la materia orgánica se transformó en precursores fermentativos (AGVs). En conjunto, estos resultados muestran que la activación y aclimatación escalonada y el pretratamiento térmico permitió que el consorcio microbiano tanto de DA y FO se adaptara a la toxicidad de la vinaza y aprovechara los carbohidratos complejos, logrando la producción de biogas y permitiendo integrar en un futuro el efluente de FO rico en AGV's como influente para el sistema metanogénico.

Palabras clave: *Agave durangensis*, Vinazas de mezcal, Biocombustibles, Fermentación oscura, Digestión anaerobia.

ANÁLISIS ESPECTROSCÓPICO Y COLORIMÉTRICO DE EXTRACTOS DE *Curcuma longa* OBTENIDOS POR DISTINTOS MÉTODOS, PARA NANOENCAPSULACIÓN Y POSIBLES APLICACIONES EN EL TRATAMIENTO DE ENFERMEDADES NEURODEGENERATIVAS

Lilian Azucena Barceinas Gheno^{1*}, Francisca Pérez Severiano², Marlon Rojas López¹

¹Instituto Politécnico Nacional, Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada. Ex Hacienda San Juan Molino, Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5, Tlaxcala. C.P 90700, México; ² Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía. Av. Insurgentes sur, La Fama, Ciudad de México

[*lbearceinasg2300@alumno.ipn.mx](mailto:lbearceinasg2300@alumno.ipn.mx); lilian.barceinas@gmail.com

Resumen. - Las enfermedades neurodegenerativas (EN) constituyen un grupo de trastornos progresivos que causan daño en el sistema nervioso central (SNC), generando una pérdida neuronal considerable, disminuyendo la funcionalidad e independencia personal, afectando negativamente la calidad de vida de millones de personas en todo el mundo. Dentro de las enfermedades neurodegenerativas, se encuentra la enfermedad de Huntington (EH), ésta es una enfermedad genética heredable muy rara la cual afecta el sistema nervioso central, provocando múltiples síntomas al paciente y una calidad de vida poco deseable. A pesar de que la EH tiene una incidencia de 5-10 personas por cada 10000 habitantes, el tratamiento se limita a la reducción de síntomas, que, al mismo tiempo, provoca efectos secundarios a los pacientes. Se ha reportado que algunas especies vegetales como la Cúrcuma (*Curcuma longa*) tienen Fito-compuestos como flavonoides, polifenoles y alcaloides que tienen propiedades antiinflamatorias y antioxidantes que resultan ser benéficas para el sistema nervioso central. Uno de los metabolitos presentes en la raíz de esta planta es la curcumina, que, al ser un compuesto fenólico, es un candidato destacado para el tratamiento de diversas EN como la EH. Para este trabajo se utilizaron raíces de cúrcuma obtenidas del municipio de XXXX, Puebla; estas se lavaron, desinfectaron, liofilizaron y molieron. Al polvo resultante se le realizaron 2 tipos de extracciones: maceración (24h y 48 h) y sonicación. Las variables implementadas fueron: la concentración o relación p/v (1:10, 1:20, 1:30) de la muestra de polvo, así como el factor de dilución etanol: agua a la que fueron diluidas (70%, 80%, 90% y etanol absoluto). Para la extracción por maceración se dejaron reposar las distintas concentraciones en frascos ámbar por 24 y 48 horas; mientras que para la extracción por sonicación se colocaron en frascos ámbar y se sonicaron durante 30 minutos. Al finalizar las extracciones, todas las muestras se filtraron con papel, y se eliminó el solvente mediante rotavapor hasta secar por completo. Finalmente, la muestra se recuperó en etanol absoluto dejando secar a temperatura ambiente. Se evaluó el rendimiento de cada extracción y se analizó cada ensayo mediante espectroscopía FTIR, y pruebas colorimétricas, para la obtención de superficies de respuesta.

Palabras clave: extracción, curcumina, *Curcuma longa*, fenoles, Enfermedad de Huntington.

EFFECTO DE LA SEMAGLUTIDA EN LA INDUCCIÓN DEL CÁNCER DE MAMA EN CONDICIONES DE OBESIDAD.

Lourdes Alejandra Figueroa Vilchis¹, María Eugenia Jaramillo Flores¹

¹Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional. Unidad Profesional Adolfo López Mateos, Zacatenco, Av. Wilfrido Massieu 399, Col. Nueva Industrial Vallejo, C.P. 07738 Alcaldía Gustavo A. Madero CDMX. México.

[*lfigueroav2500@alumno.ipn.mx](mailto:lfigueroav2500@alumno.ipn.mx)

Resumen.-

El cáncer es un conjunto de enfermedades caracterizadas por un crecimiento celular desregulado, invasión local de tejidos y potencial para desarrollar metástasis a sitios distantes, con un incremento constante en incidencia y mortalidad. Entre los principales factores de riesgo para desarrollar cáncer se encuentra la obesidad, que se define como la acumulación excesiva de grasa perjudicial para la salud. Uno de los tratamientos utilizados para pacientes con obesidad son los agonistas del receptor GLP-1, como la semaglutida o liraglutida; que son proteínas sintéticas que imitan la función de GLP-1, una hormona clave en la homeostasis de la insulina y el glucagón; sin embargo, estudios recientes sugieren que podría ser un factor de riesgo para desarrollar diferentes tipos de cáncer. El objetivo del presente proyecto es determinar el efecto de semaglutida en la regulación de mediadores moleculares implicados en progresión tumoral del cáncer de mama. Para ello se usarán como modelo diferentes líneas celulares: MCF-10AT, MCF-7 y MDA-MB-231, las cuales se tratarán con medio condicionado por células 3T3-L1, 3T3-L1 con RAW264.7 y suero de pacientes obesos, mismos que serán caracterizados. Se analizará el efecto del tratamiento de las células de cáncer de mama mediante ensayos de proliferación celular, cuantificación de ATP, resistencia a apoptosis, captación de glucosa y ácidos grasos, especies reactivas del oxígeno, y ensayos de migración e invasión celular. Posteriormente, se analizará la expresión de GLP-R1, IR, NRF2, HIF-1 α , NOX4 y VEGF en las líneas celulares mediante RT-qPCR.

Palabras clave: cáncer de mama, obesidad, adipocitos, agonista del receptor GLP-1.



ANÁLISIS MULTI-ÓMICOS PARA DESCIFRAR EL PROCESO INFECTIVO DE *Candidatus Liberibacter asiaticus* EN LIMÓN MEXICANO

Luisa Fernanda Ramos Bojórquez^{1*}, Norma Elena Leyva López^{1*}

¹ CIIDIR-IPN, Unidad Sinaloa, Juan de Dios Bátiz Paredes 250, Col. San Joaquín, Guasave, Sinaloa 81101, México.

*lramosb2100@alumno.ipn.mx, neleyval@ipn.mx

Resumen.- El Huanglongbing (HLB) es de las enfermedades más devastadoras en la citricultura mundial, comprometiendo la producción y calidad de los cítricos. El HLB es causado principalmente por la bacteria no cultivable *Candidatus Liberibacter asiaticus* (CLas), transmitida por el psílido asiático *Diaphorina citri*. Debido a que la bacteria es no cultivable, su comportamiento debe estudiarse directamente en la planta. Diversas investigaciones han descrito alteraciones fisiológicas y moleculares inducidas por el HLB en especies susceptibles y tolerantes a la enfermedad; estas incluyen la disfunción del floema por obstrucción, acumulación de almidón, clorosis, menor tasa fotosintética, deformación del fruto y retraso en el crecimiento. A nivel molecular, la infección provoca reprogramación transcripcional reflejada en cambios en expresión génica (DEGs) y la activación o inhibición de factores de transcripción (WRKY, MYB, etc), alteraciones en el metabolismo energético y secundario, así como en procesos de defensa y estrés oxidativo, lo que refleja una respuesta compleja del hospedero frente al patógeno, lo que hace necesario el uso de enfoques ómicos integrativos para comprender la respuesta de la planta a la infección. El uso de herramientas de biología molecular, como la secuenciación de RNA (RNA-Seq), y técnicas como la de cromatografía líquida de ultra alta resolución acoplada a espectrometría de masas en tándem (UHPLC-MS/MS), ha permitido caracterizar de manera integral los cambios transcriptómicos y metabolómicos asociados a la infección. Debido a que siguen siendo escasos los trabajos en limón mexicano (*Citrus aurantifolia*), el objetivo de la presente investigación plantea caracterizar la dinámica de la respuesta del limón mexicano a la infección por CLas mediante un enfoque multiómico. Para ello se realizarán muestreos a las 4, 8, 16 y 32 semanas post inoculación, se obtendrán los perfiles metabolómicos por UHPLC-MS/MS, con énfasis al metabolismo secundario asociados a la defensa vegetal, y perfiles transcriptómicos mediante RNA-Seq para identificar la expresión diferencial de los genes asociados a respuestas de defensa y regulaciones metabólicas. La integración de ambos conjuntos de datos se llevará a cabo mediante enfoques de análisis de redes de co-expresión, con el fin de identificar módulos funcionales y genes o metabolitos clave asociados a la respuesta frente a la infección. Este enfoque nos aportará una visión integral de los procesos moleculares y metabólicos involucrados en la respuesta del limón mexicano frente al HLB y contribuirá a generar bases para futuros estudios orientados al manejo y mejoramiento del limón mexicano.

Palabras clave: Huanglongbing; *Citrus aurantifolia*; Respuestas de defensa; Transcriptómica; Metabolómica.

ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO Y METABOLÓMICO DE *Bacillus velezensis* COD2 COMO ANTAGONISTA DE *Fusarium verticillioides* Y PROMOTOR VEGETAL

María Elena Camacho Leyva¹, Melina López Meyer¹

¹CIIDIR - Unidad Sinaloa, a las Glorias, San Juachin, 81049 Guasave, Sin.

mariacamacho@uas.edu.mx

En México, el maíz constituye el principal cultivo; sin embargo, su producción enfrenta desafíos crecientes asociados al deterioro del suelo, la presión de enfermedades y los efectos del uso intensivo de agroquímicos. Este contexto ha impulsado la búsqueda de alternativas sostenibles, entre las que destaca el uso de microorganismos benéficos. Estos organismos favorecen una absorción más eficiente de nutrientes, incrementan la tolerancia al estrés y contribuyen a la protección frente a patógenos. En el cultivo de maíz, el hongo fitopatógeno *Fusarium verticillioides* destaca por su capacidad para causar pudrición del tallo, la raíz y la mazorca, además de producir fumonisinas, micotoxinas que representan un riesgo para la salud humana y animal. Por su parte, *Bacillus velezensis* ha emergido como un microorganismo benéfico de gran interés debido a su doble funcionalidad: la promoción del crecimiento vegetal y el control biológico de enfermedades. Experimentos preliminares realizados por nuestro grupo indican que *B. velezensis* cepa COD2 presenta actividad antagonista frente a *F. verticillioides* in vitro y posee potencial como promotora del crecimiento vegetal. El genoma de esta cepa ya ha sido secuenciado, identificándose genes asociados a la producción de sideróforos, auxinas y ACC deaminasa. Sin embargo, la respuesta transcripcional de la bacteria, así como los metabolitos que secreta durante su interacción con el patógeno y con la planta, aún no han sido caracterizados. En este proyecto se propone evaluar la capacidad de *B. velezensis* cepa COD2 como promotora del crecimiento vegetal en maíz, así como confirmar, en condiciones in planta, su actividad antagonista frente a *F. verticillioides*. Adicionalmente, se analizarán el transcriptoma y el metaboloma de COD2 durante su interacción tanto con el patógeno como con la planta. Para ello, *B. velezensis* COD2 será cocultivada con *F. verticillioides*, y se tomarán muestras a las 24 y 36 horas post-inoculación (hpi), eliminando el micelio fúngico mediante filtración. El medio de cultivo se separará de las células bacterianas por centrifugación y filtración, con el fin de extraer y secuenciar el RNA bacteriano, mientras que el sobrenadante será utilizado para el análisis metabolómico. Para estudiar la interacción con raíces de maíz, plántulas se cultivarán en medio nutritivo líquido inoculado con COD2. Se colectarán muestras a las 48 y 72 hpi, recuperando células bacterianas y medio libre de células para análisis transcriptómicos y metabolómicos. La secuenciación se realizará en la plataforma Illumina NextSeq 500. El alineamiento se llevará a cabo con STAR v2.7.0, la cuantificación con HTSeq-count v0.11.2 y el análisis de expresión diferencial mediante R/DESeq2 v1.32. Se realizarán análisis de Gene Ontology, KEGG y enriquecimiento de rutas metabólicas. El metaboloma se analizará de manera no dirigida mediante UPLC-PDA-HESI-Orbitrap-MS/MS. La identificación de compuestos se realizará utilizando mzCloud, MassBank of North America, ChemSpider y PubChem, junto con el análisis de fragmentación. En conjunto, este enfoque permitirá dilucidar los mecanismos moleculares que subyacen a la interacción de COD2 con *F. verticillioides* y con la planta de maíz.

Palabras clave: Biocontrol, promoción del crecimiento vegetal, rizobacterias (PGPR), transcriptómica, metabolómica.

EFFECTO ANTITUMORAL DE *Cicer arietinum* L EN UN MODELO MURINO DE CÁNCER DE MAMA BIOLUMINISCENTE 4T1-FFLUC-2H11

Maricarmen Lara-Rodríguez¹, María del Consuelo Gómez-García², Cristian Jiménez-Martínez^{1*}

¹Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional. Prolongación de Carpio y Plan de Ayala s/n, Col. Santo Tomás, Miguel Hidalgo, C.P. 11340, Ciudad de México, México.

²Escuela Nacional de Medicina y Homeopatía, Instituto Politécnico Nacional. Guillermo Massieu Helguera 239, La Escalera, Gustavo A. Madero, C.P. 07320, Ciudad de México, México.*Correo electrónico: mlarar922@gmail.com

Resumen. El cáncer de mama presenta altas tasas de mortalidad debido a la resistencia tumoral y los efectos secundarios de las terapias convencionales. En este contexto, los compuestos bioactivos derivados de las leguminosas constituyen una alternativa prometedora. En el presente trabajo se evaluó el efecto de la germinación de *Cicer arietinum* L bajo condiciones de estrés oxidativo con peróxido de hidrógeno (H₂O₂) sobre el contenido de compuestos fenólicos y flavonoides, así como sobre su actividad antioxidante. A partir de las harinas obtenidas, se prepararon extractos que fueron caracterizados mediante métodos colorimétricos y ensayos de actividad antioxidante, así como mediante técnicas avanzadas, como imágenes hiperespectrales. Los resultados mostraron que la germinación con H₂O₂ incrementó los niveles de compuestos fenólicos y flavonoides, lo que se correlacionó con una mayor actividad antioxidante. Estos hallazgos sugieren que el garbanzo germinado con H₂O₂ constituye una fuente de compuestos con potencial actividad antitumoral, aunque se requieren estudios adicionales *in vitro* e *in vivo* para confirmar su eficacia.

Palabras clave: *Cicer arietinum* L, isoflavonas, cáncer de mama, antioxidantes, bioluminiscencia.

Introducción

El cáncer es un conjunto de enfermedades de origen multifactorial que se caracteriza por una proliferación celular descontrolada (Hanahan 2022). Aunque existen terapias convencionales efectivas, la resistencia tumoral y los efectos secundarios severos limitan su eficacia, por lo que se buscan alternativas más específicas, eficaces y menos invasivas. Las isoflavonas (del grupo de los compuestos fenólicos) poseen una estructura similar a la de los estrógenos de mamíferos, lo que les permite unirse a los receptores de estrógeno y ejercer efectos tanto estrogénicos, como antiestrogénicos (Arora et al. 2023). Estudios *in vitro* han demostrado que las isoflavonas presentes en el garbanzo *Cicer arietinum* L. inducen apoptosis, inhiben la angiogénesis y reducen la proliferación celular en modelos de cáncer de mama (Zakłos-Szyda et al. 2020). Además, se ha reportado que el proceso de germinación incrementa la producción de estos metabolitos, alcanzando hasta 100 veces más su contenido con el uso de elicitores como el peróxido de hidrógeno (H₂O₂) (Domínguez-Arispuro et al. 2021). Para evaluar el potencial terapéutico de estos compuestos, es necesario el uso de modelos animales que permitan replicar la enfermedad en condiciones fisiológicas. Sin embargo, la investigación biomédica debe considerar principios bioéticos como las tres R (reemplazo, reducción y refinamiento). En este sentido, los modelos murinos con genes reporteros de bioluminiscencia permiten monitorear de manera no invasiva el crecimiento tumoral y la respuesta a los tratamientos, y reducen el número de animales y de procedimientos invasivos

EVALUACIÓN DE LA DEGRADACIÓN DE POLIETILENO POR HONGOS DEL GÉNERO *Fusarium*

Miguel Cuahquentzi Sánchez¹, Claudia Patricia Larralde Corona^{1*}, María del Carmen Sánchez Hernández^{2**}.

¹Doctorado en Ciencias en Biotecnología, Centro de Biotecnología Genómica, Blvd del Maestro SN, Narciso Mendoza, C.P. 88710 Reynosa, Tamaulipas, México., ²Laboratorio de Biotecnología, Centro de Investigación en Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Ixtacuixtla, C.P. 90120, Tlaxcala México.

*plarralde@ipn.mx; **carmen.sanchezh@uatx.mx

Resumen

El polietileno (PE) es un polímero derivado del petróleo ampliamente utilizado en sectores industriales y domésticos debido a su bajo costo, estabilidad química y versatilidad estructural. Sin embargo, su conformación basada en cadenas largas de carbono no polares y su elevado peso molecular le confieren una alta resistencia a la degradación natural, contribuyendo al incremento de efectos adversos sobre procesos ecológicos y sobre la integridad de las comunidades biológicas. Ante esta problemática, la degradación microbiana representa una alternativa prometedora, ya que se ha demostrado que algunos microorganismos poseen la capacidad de despolimerizar plásticos mediante la secreción de enzimas. En particular, los hongos filamentosos destacan por su capacidad para colonizar superficies hidrofóbicas, secretar enzimas extracelulares y generar transformaciones fisicoquímicas detectables en polímeros como el PE. Especies del género *Fusarium* han sido objeto de interés debido a su adaptabilidad a condiciones ambientales variables, su afinidad por sustratos hidrofóbicos y su capacidad para producir enzimas extracelulares asociadas a la degradación de compuestos estructuralmente complejos, incluidos los lignocelulósicos. Las investigaciones sobre la degradación de PE por hongos han empleado metodologías como la espectroscopía infrarroja por transformada de Fourier (FTIR) y la microscopía electrónica de barrido (SEM), las cuales han permitido evidenciar la formación de grupos funcionales oxigenados y el deterioro de la superficie, confirmando la existencia de procesos degradativos asociados a la actividad microbiana. Asimismo, se han reportado enzimas oxidativas e hidrolíticas potencialmente involucradas como esterasas, lacasas y peroxigenasas. Sin embargo, su naturaleza específica y su regulación en *Fusarium* durante la exposición al PE no han sido completamente caracterizadas. La identificación de genes clave, patrones de regulación génica y proteínas extracelulares asociadas a este proceso es fundamental para comprender la respuesta metabólica del hongo frente al PE. Por ello, estudios sobre transcriptómica permitirán caracterizar la regulación génica en condiciones específicas de cultivo, identificando genes relacionados con la degradación y asimilación del polietileno. En este sentido, la investigación propuesta busca caracterizar de manera integral la expresión génica y el perfil proteico de especies del género *Fusarium* durante su crecimiento sobre polietileno, con el propósito de identificar las enzimas, procesos metabólicos y rutas moleculares implicadas en su degradación.

Palabras clave: Polietileno, biodegradación, enzimas, *Fusarium*, transcriptómica.

HIDROLIZADO DE MÚSCULO DE CAMARÓN INFECTADO CON VIRUS DE LA MANCHA BLANCA, COMO INDUCTOR DE RESISTENCIA CONTRA WSSV EN *Penaeus vannamei*.

Nallely Michelle Panduro López^{1*}, Píndaro Álvarez Ruiz¹, Hervey Rodríguez Gonzalez¹, Erika Torres Ochoa²

¹Centro de Investigación Interdisciplinario para el desarrollo Integral Regional Unidad Sinaloa, Juan de Dios Bátiz #250, Col. San Joachin, en Guasave, Sinaloa, México.

²Universidad Autónoma de Baja California Sur, Departamento Académico de Ingeniería en Pesquerías, Carretera al Sur km 5.5 C. P. 23080. La Paz, B. C. S.

*Nallelypanduro66@gmail.com

Resumen.- La camaronicultura es una actividad comercial clave, siendo *Penaeus vannamei* y *Penaeus monodon* las especies más cultivadas a nivel global. No obstante, esta industria se ha visto amenazada por la presencia de enfermedades, especialmente de origen viral. El virus del síndrome de la mancha blanca (WSSV) es uno de los patógenos más estudiados, debido a su virulencia y mortalidad; Además, cuenta con un genoma que codifica tanto proteínas estructurales como no estructurales, las estructurales tienen un papel clave durante las primeras etapas de la infección. Actualmente, no existen estrategias eficaces para prevenir la infección por WSSV. Esto se debe a que el sistema inmunológico del camarón depende de una inmunidad innata, la cual carece de memoria inmunológica. A pesar de esto, se ha observado que existen mecanismos de defensa relevantes, como las vías de señalización Toll y IMD, que regulan la expresión de genes implicados en la respuesta inmune en *P. vannamei*. Además, diversos autores reportan la presencia de una “inmunidad inducida”, donde organismos previamente expuestos al virus presentan una mayor supervivencia ante infecciones posteriores. Los camarones reaccionan a las proteínas virales del virus, por eso, la hidrólisis del tejido infectado puede generar péptidos virales que activan la respuesta inmune de estos. En este estudio se evaluó la hidrólisis de músculo de camarones infectados con WSSV, se utilizó agua y ácido fórmico como catalizador y como control, se emplearon camarones no infectados, generando los tratamientos HS-WSSV y HS-noWSSV(control). El hidrolizado se analizó tanto en su fase líquida como en su forma liofilizada, considerando parámetros como el pH, proteína soluble total y los perfiles proteicos mediante SDS-PAGE. Para evaluar la respuesta inmune, se realizó un bioensayo en acuarios con agua marina (35 g/L-1), temperatura ambiente (28 ± 2 °C) y aireación constante. Para la fase líquida se seleccionaron sobrenadantes de distintos tiempos de hidrólisis (3d, 10d y 20d), los cuales se inyectaron en organismos de *P. vannamei*. Posteriormente, se recolectaron muestras de hemolinfa a las 3, 6 y 12 horas post-inyección para analizar la expresión de genes de respuesta inmune. Para el liofilizado se administró oralmente y se tomaron muestra a las 3, 6, 12 y 24 h. Los resultados mostraron que la fase líquida del hidrolizado fue capaz de inducir una respuesta inmunológica específica frente al WSSV. Se evaluaron genes como Dorsal, Relish, proteína activadora de la fagocitosis (PAP), proteína de unión tipo RAS (Rab6) y profenoloxidasa (proPO), observándose la mayor expresión a las 3 horas post-inyección. En los ensayos de desafío por inyección y per-os, el tratamiento HS-WSSV 10 d presentó las menores tasas de mortalidad (60 y 40%) y un retraso en la progresión de la enfermedad. Asimismo, el hidrolizado liofilizado administrado por vía oral también mostró sobreexpresión, promoviendo una respuesta inmune y mayor resistencia frente al virus.

Palabras clave: Virus, WSSV, Hidrolizado, Camarón.

CYTOTOXIC EFFECTS OF LACTARIUS INDIGO EXTRACTS ON TRIPLE-NEGATIVE BREAST CANCER CELLS

Noor Yaseen^{1*}, Tania Raymundo Ojeda¹, Michelle Martínez Pineda²

¹Escuela Nacional de ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Mexico

*Corresponding author : yaseenn209@gmail.com

Summary.- *Lactarius Indigo* are Basidiomycetous mushrooms belonging to the order Russulaceae. The aim of this study is to explore the metabolites of Mushrooms and their anti-breast cancer activity using UV_Spectrophotometry, and Liquid Chromatography-Electrospray Ionization Tandem Mass Spectrometry (LC/ESI-MS/MS), and their assessment with MTT assay. Three type of mushroom extracts were prepared using different solvents, Hot water, methanol, and chloroform using ratio (1:10, w/v). The UV-Vis spectrum of *Lactarius Indigo* extract primarily contains UV-absorbing compounds, such as phenolic acids, flavonoids, or other bioactive metabolites. These results can correlate with its biological activities, such as antioxidant or anticancer properties, which are often mediated by such compounds. Methanolic extracts exhibited significant cytotoxic activity against MDA-MB-231 breast cancer cells, reducing cell viability by approximately 50%, while showing comparatively lower toxicity toward normal MCF-12F cells (~20% reduction). These findings indicate selective anticancer potential and support further investigation of mushroom-derived bioactive compounds for therapeutic applications.

Keywords: *Lactarius indigo*, Anti-cancer, LC-MS/MS, cytotoxicity, Triple Negative Breast cancer.

Introduction

Lactarius indigo, the indigo milk cap, are edible basidiomycetes that are widely distributed extending from America to East Asia (Ochoa-Zarzosa et al. 2011). While in Mexico these species are very important due to notable socio-economic which is commercialized in local markets and by various Spanish called it indigo, hongo azul (blue mushroom) and the combined Spanish-Nahuatl names tecax azul (blue tecax) These genera have some members are saprophytic regarded as edible or medicinal particularly in Asia (Özdemir and Bozok 2020); (Pacheco-Hernández et al. 2025).

Materials and methods

Mushroom Collection and Identification

Lactarius indigo, were collected from Acaxochitlán, Hidalgo (October 2025). Samples were cleaned, air-dried, and identified by morphological at IPN-ENCB Mycology Lab (Dr. Tania's lab) in Mexico.

Extraction Procedure

Dried samples were powdered with the help of Rotar and extracted (1:10, w/v) using methanol (CH₃OH), chloroform (CHCl₃), and Distilled water (H₂O). Aqueous extraction was

DISMINUCIÓN DE LA REPLICACIÓN VIRAL EN *Penaeus vannamei* MEDIANTE LA PROTEÍNA WSSV IE1 TRUNCA

Oscar Jesús Aispuro-Castro^{1*}, Carlos Ligne Calderón-Vázquez¹, Héctor Abelardo González-Ocampo¹

¹Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional Unidad Sinaloa, Instituto Politécnico Nacional. Bulevar Juan de Dios Bátiz Paredes #250, Col. San Joachin, Guasave, Sinaloa, México.

*oaispuroc2100@alumno.ipn.mx

Resumen.

El Virus del Síndrome de la Mancha Blanca (WSSV) es el agente causal de una enfermedad detectada por primera vez en Asia en 1992 y en México en 1999. Este patógeno se propaga mediante aves marinas, crustáceos y artrópodos acuáticos, alcanzando una mortalidad del 100% en un periodo de 3 a 10 días si no se interviene. Durante la infección, la proteína viral Immediate Early 1 (IE1) es clave para la replicación y la posterior represión del sistema inmune del huésped, inhibiendo la expresión de genes de respuesta inmune durante las primeras 24 horas post-infección. Esto impide que el camarón se defienda adecuadamente, favoreciendo el incremento de la carga viral. Estudios sobre la proteína IE1 trunca del virus de la poliedrosis nuclear de *Bombyx mori* (BmNPV) en el gusano de seda han demostrado que la variante trunca IE1TN posee propiedades inhibitorias que bloquean funciones críticas de la proteína IE1 nativa. Por otro lado, el uso de *Bacillus* spp. como probiótico ha destacado en la modulación de la microbiota intestinal de *P. vannamei* y en la mejora de la supervivencia frente a WSSV mediante la secreción de enzimas inmunoestimulantes. El objetivo principal de este estudio es generar una cepa de *Bacillus* sp. que exprese una versión trunca de la proteína WSSV IE1 para disminuir la replicación de WSSV en juveniles de *P. vannamei*. Como primer paso, se realizó un escrutinio de cepas candidatas evaluando la degradación de almidón y caseína (rutas de secreción), tinción de Gram, hemólisis y resistencia a antibióticos. Se aislaron 36 cepas del intestino de camarón, de las cuales dos resultaron Gram positivas con hemólisis gamma, secreción de α -amilasa (1.61 ± 0.289 y 1.76 ± 0.21) y proteinasas extracelulares (1.22 ± 0.01 y 2 ± 0.17), además de una alta tolerancia salina (0.5, 3 y 7%). Finalmente, se diseñó una versión trunca de WSSV IE1 con un tamaño de 143 aminoácidos (dominio C-terminal), la cual será insertada en el vector pET-28(a)+ y clonada en *E. coli* DH5 α para su posterior expresión en *E. coli* BL21 (DE3), evaluando así su secreción, integridad y estabilidad frente a variables fisicoquímicas del cultivo.

Palabras clave: WSSV, IE1, *Penaeus vannamei*

PREBIÓTICOS Y PROBIÓTICOS COMO ESTRATEGIA PARA PROMOVER LA SALUD EN LA TILAPIA DEL NILO

Pablo Alejandro Rendón-Delcid¹, Ruth Escamilla-Montes², Antonio Luna-González^{1*}

¹CIIDIR, Unidad Sinaloa, IPN, Bulevar Juan de Dios Bátiz Paredes #250, Col. San Joachin, en Guasave, Sinaloa, México, ²CIBNOR SC, Unidad Guaymas, carretera a las Tinajas SN, 85454 Heroica Guaymas, Sonora,

*aluna@ipn.mx

Resumen.- La acuicultura enfrenta problemas causados por microorganismos patógenos, como especies del género *Vibrio*, *Streptococcus*, *Aeromonas* y *Lactococcus*. Para el control de las enfermedades, se han propuesto alternativas amigables con el ambiente como la suplementación con probióticos y prebióticos. El uso de probióticos del género *Lactobacillus*, así como la administración en el alimento de inulina (*Agave tequilana*) y plátano verde (*Musa paradisiaca*) ha demostrado mejoras en el sistema inmune, microbiota intestinal y resistencia a infecciones en la tilapia del Nilo (*Oreochromis niloticus*). Bacterias benéficas del género *Lactobacillus* se han identificado en el kéfir, considerándolo un alimento con alto potencial biotecnológico. Por ello, el objetivo del presente estudio es determinar el efecto de la suplementación con probióticos del género *Lactobacillus*, inulina (*Agave tequilana*) y plátano verde (*Musa paradisiaca*), adicionados en el alimento, en el crecimiento, supervivencia, respuesta inmune y microbiota intestinal de la tilapia del Nilo (*O. niloticus*) retada con *L. garvieae*. Se aislarán y caracterizarán a nivel bioquímico y molecular bacterias con potencial probiótico del género *Lactobacillus* procedentes de kéfir. De las cepas con las mejores características probióticas, se microencapsularán por el método de secado por aspersión (Yamato®, Japón) y se añadirán al alimento en distintas concentraciones (10×10^9 UFC/L; 10×10^{10} UFC/L; y 10×10^{11} UFC/L), así como en combinación con inulina (1.0 g/kg, 1.5 g/kg y 2.0 g/kg) y plátano verde (1.0 g/kg, 2.0 g/kg y 3.0 g/kg) en distintas frecuencias de administración (suplementación diaria y distintos tratamientos con días de suplementación y reposo). Se realizarán cuatro bioensayos con una duración de 48 días para determinar la mejor concentración, cantidad y frecuencia de los componentes en el crecimiento, sistema inmune, microbiota intestinal y supervivencia. Se realizarán experimentos con 13 peces ($1.0 \text{ g} \pm 0.5 \text{ g}$) por tina por triplicado monitoreando parámetros físico-químicos. Se tomarán muestras del riñón cefálico para evaluar expresión de genes del sistema inmune mediante PCR cuantitativo (tiempo real) y se realizará un análisis transcriptómico (Illumina®). Se determinará la expresión relativa del ARNm utilizando el método $2^{-\Delta\Delta Ct}$. Se obtendrán los intestinos de 4 peces por tratamiento y se depositarán en tubos Eppendorf de 1.5 mL con alcohol al 96 °C. El ADN bacteriano se extraerá y se secuenciará en el CIAD, Mazatlán (Illumina® Miniseq 2 150 pair-end) obteniendo la biblioteca de secuencias a partir de la región variable (V3) del gen 16S rRNA. Se empleará la plataforma Shaman para la construcción de las OTUs y la base de datos Silva para la anotación de las secuencias. Se realizarán análisis de diversidad alfa (Shannon) y beta (NMDS) para examinar la variación en las similitudes de la comunidad microbiana entre los diferentes tratamientos, en la plataforma Microbiome Analyst. Se evaluará la normalidad de los datos (Kolmogorov-Smirnov) y se determinarán diferencias entre tratamientos para supervivencia y expresión génica (ANDEVA) ($p < 0.05$) (Statística 7, StatSoft®).

Palabras clave: Probióticos, peces, expresión génica, metagenómica, resistencia a enfermedades.

AISLAMIENTO Y SELECCIÓN DE UN CONSORCIO MICROBIANO CON POTENCIAL PARA LA BIOTRANSFORMACIÓN DE MICROPARTÍCULAS DE PET

Raquel Rodríguez Gutiérrez^{1*}, Diana Verónica Cortés Espinosa², Virgilio Bocanegra García².

¹Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Instituto Politécnico Nacional. Ex-Hacienda San Juan Molino. Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5, C.P. 90700, Tlaxcala, México, ²Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional. Blvd del Maestro SN, Narciso Mendoza, C.P. 88710 Reynosa, Tamps. México.

[*rrodriguezg2000@alumno.ipn.mx](mailto:rrodriguezg2000@alumno.ipn.mx)

Resumen.- La contaminación plástica, en particular, la proveniente del tereftalato de polietileno (PET), representa un importante desafío ambiental debido a su resistencia a la degradación. Este estudio tuvo como objetivo aislar y seleccionar microorganismos con potencial para la biotransformación del PET. Se recolectaron muestras de agua y sedimento de un efluente industrial en San Mateo Ayecac, Tlaxcala, México. Los aislamientos microbianos se obtuvieron empleando medios de cultivo selectivos y se sometieron a un screening de múltiples pasos, que incluyó: 1. Ensayos de colonización en superficies de PET, en los cuales, se detectó crecimiento preferencial en zonas adyacentes a las partículas de PET, posiblemente como estrategia adaptativa para incrementar la adaptabilidad o facilitar su acceso a compuestos liberados por la hidrólisis inicial del polímero; 2. Análisis de producción de biomasa bajo diversas condiciones de glucosa y PET, lo cual permitió establecer diferencias importantes en la capacidad de los microorganismos analizados para crecer en condiciones de disponibilidad limitada de carbono y 3. Evaluaciones cualitativas y cuantitativas de actividad enzimática. La detección de actividad esterásica en un conjunto diverso de microorganismos provenientes de un entorno contaminado representa un paso preliminar clave para la selección de cepas capaces de contribuir a la biodegradación de PET. Posteriormente, se realizaron pruebas antagónicas para identificar interacciones positivas entre los aislamientos más prometedores. En los resultados destacaron cuatro aislamientos bacterianos y dos fúngicos, con los cuales se conformaron tres consorcios, uno bacteriano, uno fúngico y uno mixto, los cuales se confrontaron a una cepa independiente en una cinética de evaluación de desempeño en diferentes medios de cultivo, donde destacó el consorcio bacteriano y mixto, los cuales produjeron cambios químicos en la estructura del PET observados mediante FTIR. La identificación molecular reveló la presencia de varios géneros, incluyendo *Brucella*, *Pseudomonas*, *Serratia* y *Aspergillus*. Estos hallazgos indican que los consorcios microbianos poseen características prometedoras para la degradación del PET, en comparación con cepas independientes. Investigaciones futuras explorarán los mecanismos de comunicación intercelular para optimizar los mecanismos de biodegradación sinérgica.

Palabras clave: microplásticos, consorcio microbiano, biodegradación, tereftalato de polietileno.

ANTICANCER ACTIVITIES OF SOYBEAN PEPTIDES ON COLORECTAL CANCER CELLS BY AFFECTING THE CANCER PROMOTER GENES

Rohullah^{1*}, Rosalva Mora Escobedo¹, Vanessa García Rojas¹

¹Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional (IPN)
Wilfrido Massieu 399, Nueva Industrial Vallejo, Gustavo A. Madero, 07700 Mexico City,
Mexico

*Corresponding author: roh.kmu@gmail.com

Summary

Colorectal cancer is one of the major causes of cancer related deaths in all countries and safer and more discriminating therapeutic methods need to be developed. Peptides in soybean have received attention because they may have anticancer effects. The effects of NNDDRDS and IKSQSES were determined on Caco-2 cells at the following concentrations 1, 10, and 100 μ M using the MTT assay. Cisplatin was used as a positive control. One-way ANOVA and Dunnett post hoc test were used to perform statistical analysis. Selectivity was evaluated using HaCaT cells as a control. Cisplatin exhibited high dose-effect cytotoxicity with high cell viability decreases. NNDDRDS was very active at 100 μ M with IKSQSES performing moderately at the same concentration. No toxicity was observed with the two peptides in HaCaT cells. The results indicate that the soybean peptides have selective anticancer effects and can potentially be used as alternatives or complements to colorectal cancer therapy.

Keywords Soybean peptides; colorectal cancer; *Caco-2* cells; cytotoxicity; MTT assay

Introduction

Cancer is defined by unregulated growth of cells and their resistance to the apoptotic process (Cancer) (Hanahan and Weinberg, 2011). Colorectal cancer (CRC) (Colorectal cancer) is a significant issue in the world in terms of morbidity and mortality because it is very common and causes the greatest number of deaths. Cisplatin and other conventional chemotherapeutic agents are commonly used but their clinical use is frequently constrained by serious side effects against normal cells (Dasari and Tchounwou, 2014).

Bioactive peptides are natural peptides which have been used in recent years because of their various biological effects, such as antioxidant, antihypertensive and anticancer effects (Udenigwe and Aluko, 2012). In particular, peptides of soybean have been shown to affect the important cellular activities of growth, death and gene expression (Kim et al., 2000; Malaguti et al., 2014). These characteristics indicate that they might be used to target cancer-promoting pathways more selectively.

In spite of these encouraging properties, the haplontic cytotoxicity of certain peptides of the soybean against colorectal cancer cells is not fully investigated. Thus, the purpose of this research was to assess the anticancer effect of NNDDRDS and IKSQSES peptides on Caco-2 cells and to compare their effects with those of cisplatin and to determine their safety in normal HaCaT cells.

DIVERSIDAD, ESTRUCTURA GENÉTICA Y VARIACIÓN ESTACIONAL DE ABEJAS NATIVAS EN UN PASTIZAL CONSERVADO DE DURANGO

Rosa Isela Delgado Espinoza^{1*}, Yolanda Herrera Arrieta¹, Miguel Mauricio Correa Ramirez¹, Jesús Guadalupe González Gallegos¹, Dulce Rodríguez Morales²

¹Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR Unidad Durango, Sigma 119, Fracc. 20 de Noviembre II, Durango 34220, Durango, México, ²Universidad Veracruzana, Instituto de Neuroetología. Av. Dr. Luis Castelazo Industrial de las Ánimas, Rubí ánimas, Xalapa de Enríquez, Veracruz, CP. 91190, México

*izcela97@gmail.com

Resumen.- La polinización biótica es realizada por los seres vivos, siendo las abejas los polinizadores más reconocidos. Nuestro país alberga el 10% de las abejas conocidas a nivel mundial con más de 2,000 especies registradas. A pesar de esto, la especie más estudiada es la abeja europea (*Apis mellifera*) y las abejas nativas permanecen poco estudiadas en aspectos como su distribución, ecología y delimitación. Generalmente, la identificación de especies se ha realizado mediante el enfoque morfológico. Sin embargo, en algunos casos esto podría resultar insuficiente, sobre todo cuando se trata de especies morfológicamente similares. En este sentido, el uso de herramientas moleculares puede ser un complemento, ya que permiten detectar variación genética entre especies morfológicamente similares por lo que la integración de ambos enfoques puede ser una estrategia clave para la delimitación de especies con mayor precisión. El presente estudio tiene como objetivo analizar la diversidad y la estructura genética de las abejas nativas en un pastizal conservado, considerando la temporada de lluvias y de estiaje. El área de estudio se localiza dentro del ejido Tuitán, en Nombre de Dios, Durango. La captura de abejas se realizará usando redes entomológicas a lo largo de transectos de 100 m, durante los periodos de mayor actividad de los insectos. Los ejemplares capturados serán conservados en alcohol al 90% y serán procesados en laboratorio. Se medirá su cabeza, tórax, abdomen y patas, además se realizará la disección de su genitalia. Posteriormente, se extraerá ADN genómico total y amplificarán fragmentos tanto mitocondrial (COI) como nuclear (ITS 1 y ITS 2) mediante la técnica PCR, los productos de PCR serán enviados a secuenciación. Las secuencias obtenidas serán analizadas mediante softwares para estimar la diversidad genética y las relaciones entre individuos. Se calcularán parámetros como diversidad haplotípica y nucleotídica, y se construirán redes de haplotipos y árboles filogenéticos. Se evaluará la diversidad alfa mediante índices como riqueza de especies, Shannon y Simpson, así mismo se calculará la equidad de Pielou. Para detectar diferencias significativas entre las temporadas de estudio se realizarán pruebas de normalidad y homogeneidad de varianzas y posteriormente se aplicará la prueba estadística *U* de Mann-Whitney o *t* de student según corresponda. Los resultados esperados de esta investigación contemplan la generación de una lista de especies presentes en el pastizal, delimitadas mediante un enfoque morfológico y genético, además de identificar posibles cambios en la diversidad abundancia y composición de sus comunidades en las temporadas de estiaje y lluvias. Este estudio generará conocimiento sobre la biodiversidad de abejas nativas y aportará bases para su conservación en los pastizales de Durango.

Palabras clave: abejas nativas, diversidad, genética, morfología, pastizal

DINÁMICA ESTRUCTURAL Y ACUMULATIVA DE CARBOHIDRATOS DE *Agave durangensis* Y EVALUACIÓN DE SUS PROPIEDADES FUNCIONALES

Shaïla Nayeli Pérez Salinas^{1*}, Yolanda Herrera Arrieta¹, Liliana Wallander Campeán¹, Marlón Rojas López², Marcela Verónica Gutiérrez Velázquez¹, Maricela Esteban Méndez¹

¹CIIDIR-IPN Unidad Durango, Sigma 119, 20 de Noviembre II, 34220 Durango, Dgo.,

²CIBA-IPN, Ex-Hacienda San Juan Molino, Carretera Estatal Manzana Tepetitla Km 1.5, 90700 Santa Inés Tecuexcomac, Tlax.

*Correo del autor principal: snperez@ipn.mx, yherrera@ipn.mx

Resumen

Los fructanos, en las plantas de agave representan los principales carbohidratos de reserva en condiciones de sequía extrema, están formados por polímeros de fructosa con una molécula de glucosa terminal. El *Agave durangensis* es utilizado ampliamente en la producción de mezcal, y ha demostrado ser una fuente importante de fructanos (agavinas). Se procesaron 200 g de corazón de *Agave durangensis* de 2, 8 y 15 años. La extracción de fructanos se realizó mediante el método de ultrasonificación, con el cual se evaluaron los carbohidratos totales. Las diferencias estructurales fueron evaluadas mediante espectroscopia infrarroja (FTIR). Las actividades antioxidantes se evaluaron con las técnicas espectrofotométricas de radical libre DPPH y ABTS. Las bandas identificadas mediante FTIR revelaron una relación entre la intensidad de las señales asociadas a los fructanos. En plantas de 8 años, se encontraron las concentraciones más altas. El ensayo ABTS, el cual tuvo mayor sensibilidad en plantas de 8 años la actividad antioxidante en fructanos de agave fue escasa con el método DPPH. Se puede concluir que la mayor actividad observada en la etapa intermedia de desarrollo del agave podría estar con alteraciones en la estructura de los fructanos, incluyendo variaciones su grado de polimerización y ramificación.

Palabras clave: Fructanos, *Agave durangensis*, grado de polimerización, prebióticos, carbohidratos

Introducción

El género *Agave* se considera originario de México, donde se encuentran 272 de las 310 especies reportadas, con 135 especies endémicas (García-Villalba et al., 2023). Crecen en climas semiáridos y templados, son componente clave de los ecosistemas locales, contribuyendo a la biodiversidad de pastizales, matorrales xerofíticos y bosques caducifolios (García-Villalba et al., 2023). En el estado de Durango, el *Agave durangensis* se encuentra ampliamente distribuido, el cual es una fuente importante de fructanos (Delgado-Alvarado et al., 2019). Los compuestos de los agaves que sirven para elaborar mezcal son conocidos como fructanos que se componen principalmente de fructosa (97.11%) y glucosa (2.89%). Son mezclas principalmente del tipo neo-fructano, con enlaces β (2-1) y β (2-6) (García-Villalba et al., 2023). Los fructanos de esta especie tienen propiedades prebióticas, ayudando a la absorción de minerales y a regular la glucosa en sangre (Velázquez-Martínez et al., 2014). El objetivo de este trabajo fue evaluar los cambios estructurales y de acumulación de carbohidratos (fructanos) de *Agave durangensis* de diferentes edades, y por último se determinaron las bioactividades antioxidantes de los carbohidratos.

EVALUACIÓN DE LA CALIDAD DEL AIRE EMPLEANDO BIOINDICADORES Y SENSORES EN LA CIUDAD DE DURANGO, MÉXICO

Sofía Lizeth De Casas Reyes^{1*}, Isaías Chairez Hernández¹, Miguel Ángel Soto Cárdenas¹

¹Instituto Politécnico Nacional, Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Unidad Durango, Sigma 119, 20 de Noviembre II, C.P. 34220.

*sdecasasr2300@alumno.ipn.mx

Resumen.- La contaminación atmosférica en zonas urbanas y periurbanas representa un desafío creciente para la salud de la población y el ambiente. En la ciudad de Durango, México, la limitada infraestructura de monitoreo dificulta obtener diagnósticos precisos, ya que las estaciones tradicionales se centran únicamente en contaminantes criterio (PM₁₀, PM_{2.5}, CO, NO₂, SO₂ y O₃). Sin embargo, el aire también transporta bioaerosoles que pueden incluir bacterias de importancia sanitaria y patógenos potenciales, por lo que su medición complementa la información físico-química y permite evaluar riesgos invisibles para los sistemas convencionales. En este trabajo se propone un enfoque integral para evaluar la calidad del aire que combina sensores de bajo costo con el análisis de bioaerosoles y bioindicadores biológicos, como las hormigas (*Pogonomyrmex rugosus*) y las hojas de trueno (*Ligustrum lucidum*), seleccionados por su capacidad para captar partículas en zonas con distinto grado de urbanización. La inclusión de estos bioindicadores permite explorar la diversidad bacteriana externa asociada a superficies vivas, mientras que los bioaerosoles reflejan directamente la carga microbiana suspendida en el aire. La metodología consistió en realizar muestreos de aire (bioaerosoles) mediante una bomba de vacío calibrada a 5 L/min, que succionó aire a través de filtros de membrana de 47 mm y poro de 0.45 µm, colocados a 1.5-2 m de altura; cada muestreo tuvo una duración de 50 minutos. Al mismo tiempo se recolectaron hormigas y hojas en los mismos sitios estratégicos (zona urbana, periurbana y control) y también se cuantificaron contaminantes criterio mediante una estación Arduino equipada con sensores electroquímicos y ópticos, cuyos datos se almacenaron y transmitieron en tiempo real a la nube. La biomasa bacteriana atrapada en los filtros, en la cutícula de las hormigas y en la superficie de las hojas se recuperó mediante lavado en solución salina estéril, agitación en vórtex y centrifugación, obteniendo pellets celulares que posteriormente fueron estabilizados y preparados para la extracción de ADN, la amplificación de la región V3-V4 del gen 16S rRNA y la secuenciación masiva en la plataforma Illumina MiSeq, lo que permitió la posterior identificación taxonómica y el estudio de la diversidad microbiana mediante herramientas bioinformáticas. Los resultados presentados hasta el momento corresponden únicamente al muestreo de bioaerosoles, donde se identificó una notable diversidad taxonómica con predominancia de géneros como *Bacillus* y *Paenibacillus*, así como la presencia de bacterias de relevancia sanitaria y patógenos potenciales como *Escherichia coli*, *Shigella flexneri* y *Salmonella enterica*. En conclusión, aunque los contaminantes criterio no excedieron los límites normativos, el análisis de bioaerosoles permitió identificar una alta diversidad bacteriana, que incluye patógenos de importancia sanitaria. Esto confirma que los bioaerosoles constituyen indicadores relevantes de la calidad del aire y que la combinación de sensores de bajo costo con análisis microbiológico es una estrategia eficaz para el monitoreo ambiental integral en Durango.

Palabras clave: bioaerosoles, contaminantes criterio, sensores, diversidad bacteriana.

CONSORCIO DE *Bacillus* spp. EN MAÍZ: EVALUACIÓN BIOLÓGICA Y MULTI-ÓMICA

Susana Echaury-Peña^{1*}, Ignacio Eduardo Maldonado-Mendoza¹, Claudia Patricia Larralde-Corona²

¹CIIDIR-IPN, Unidad Sinaloa, Blvd. Juan de Dios Bátiz Paredes 250, Col. San Joaquín, Guasave, Sinaloa 81101, México, ²Centro de Biotecnología Genómica, Boulevard del Maestro S/N esquina Elías Piña. Col. Narciso Mendoza. C.P. 88700 Reynosa, Tamaulipas, México.

*sechaurip@gmail.com

Resumen. - El maíz en México tiene un valor estratégico debido a su aporte nutricional, cultural y a su relevancia en la soberanía alimentaria del país. Sin embargo, su producción enfrenta diversas problemáticas, destacando el uso intensivo de agroquímicos y la presencia de enfermedades. *Fusarium verticillioides* (Fv) provoca pudrición de raíz, tallo y mazorca. Además, Fv tiene la capacidad de producir micotoxinas (fumonisinas), cuya presencia en grano es un riesgo para la salud humana y animal. El empleo de microorganismos benéficos como las rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) ofrece una alternativa para mejorar la producción vegetal y reducir enfermedades causadas por hongos patógenos. Las bacterias del género *Bacillus* destacan por su capacidad de formar asociaciones benéficas con maíz. Nuestro grupo de trabajo ha caracterizado dos cepas del género *Bacillus* como PGPR y agentes de biocontrol de Fv: *Bacillus cereus* sensu lato (B25) y *Bacillus megaterium* (B5). Adicionalmente, B5 tiene la capacidad de solubilizar fósforo. Por lo anterior, el empleo de ambas cepas en consorcio podría potenciar sus efectos mediante la complementariedad de sus funciones biológicas. El objetivo del presente trabajo es evaluar el efecto del consorcio bacteriano (B5/B25) en maíces híbridos y criollos, así como realizar una caracterización multi-ómica en una variedad híbrida mediante la integración de transcriptómica y metabolómica. La efectividad del consorcio en variedades híbridas comerciales (“Hipópotamo de Asgrow” y “4050 de Dekalb”) y variedades criollas (“Carrasco” y “San Juan Olote Colorado”) se evaluará bajo condiciones controladas. La actividad como PGPR y antagonista a Fv será verificada mediante ensayos en sistemas de papel enrollado, y se analizarán variables de crecimiento, así como incidencia y severidad de la enfermedad. Posteriormente, se evaluará su efecto en maceta bajo condiciones de invernadero. Se realizará un análisis transcriptómico por RNA-seq para comparar la expresión génica en raíces de plantas de maíz inoculadas con el consorcio vs plantas control sin inocular. Además, se realizará un análisis no dirigido mediante Cromatografía de Líquidos de Ultra Alta Resolución acoplada a Espectrometría de Masas para identificar metabolitos diferencialmente acumulados en respuesta a la inoculación con el consorcio bacteriano. Este enfoque multi-ómico permitirá comprender los mecanismos implicados en la interacción maíz-consorcio *Bacillus* (B5/B25), generando información clave y proporcionando las bases para el desarrollo de herramientas biotecnológicas dirigidas al manejo sostenible de cultivos.

Palabras clave: Maíz, *Bacillus*, consorcio microbiano, *Fusarium verticillioides*, multi-ómica.

EVALUACIÓN DE MICROELEMENTOS PARA OBTENER UNA ALTA DENSIDAD CELULAR Y ACUMULACIÓN DE PHB EN *Bacillus thuringiensis*

Yazmin Melendez Xicohtencatl¹, Jorge Noel Gracida Rodríguez², Víctor Eric López y López^{1*}

¹Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Ex-Hacienda San Juan Molino Carretera Estatal Santa Inés Tecuexcomac, Tlaxcala, ²Universidad Autónoma de Querétaro, Universidad 231, Cerro de las Campanas S/N, Las Campanas, 76010 Santiago de Querétaro, Querétaro.

*vlopezyl@ipn.mx

Resumen. – La sobreproducción de plásticos plantea una constante exposición a nano y microplásticos. Estas partículas tienen la capacidad de transportar contaminantes químicos tóxicos, representando un riesgo para la salud y medio ambiente. Actualmente se han explorado opciones que sean biodegradables y no tóxicas, entre las que se encuentran los bioplásticos a partir de almidón, uso de ácido poliláctico y el polihidroxibutirato, siendo este último el material que tiene propiedades similares al poliestireno y polipropileno. No obstante, la producción de PHB todavía supone un desafío a causa del elevado costo en materias primas y cepas con rendimientos bajos. *Bacillus thuringiensis*, logra sintetizar PHB en tiempos cortos de fermentación, por lo que su empleo representa una oportunidad para incrementar la acumulación del polímero. En este proyecto se busca determinar las condiciones limitantes de nitrógeno y magnesio, principales cofactores en el metabolismo de PHB, con lo que se pueda favorecer la acumulación del polímero. A fin de optimizar ambos parámetros, se establecerá un diseño experimental con diferentes concentraciones de magnesio y relaciones C:N. Posteriormente se analizará otra fuente de nitrógeno tomando en cuenta los valores óptimos. Con los datos obtenidos, se plantea la realización de cultivos por lote y lote alimentado, que permita evaluar la cepa wild-type y transformada de *Bacillus thuringiensis*, comparando la expresión de *phaA* y *acetyl-CoA* en diferentes etapas de crecimiento con condiciones óptimas del medio de cultivo. Finalmente, al polímero obtenido se determinarán sus características mecánicas y se realizarán análisis FTIR. *Bacillus thuringiensis*, puede procesar diferentes concentraciones de sustrato, no obstante concentraciones altas influyen en su crecimiento y síntesis de toxinas. A la par relaciones C:N presentan mayor glucosa residual, por lo que la relación C:N de 23 es uno de los valores más altos que se puede llegar a usar y se puede utilizar de referencia para conocer las condiciones que redirijan su metabolismo a la producción principalmente de PHB.

Palabras clave: Polímero, limitación nutricional, polihidroxialcanoatos.

CARACTERIZACIÓN GENÓMICA Y MOLECULAR DE CÉLULAS TRONCALES MESENQUIMALES DE MÉDULA ÓSEA DE RATAS ESPONTÁNEAMENTE HIPERTENSAS

Yolanda Rios Medina ^{1*}, Doris Atenea Cerecedo Mercado¹, Ivette Martínez Vieyra¹,

¹Escuela Nacional de Medicina y Homeopatía, Av. Guillermo Massieu Helguera 239, La Purísima Ticoman, Gustavo A. Madero, 07320 Ciudad de México, CDMX.

*yriosm1800@alumno.ipn.mx

Resumen. - La hipertensión arterial (HTA) es una enfermedad crónica que afecta a más de 1,400 millones de adultos en el mundo y subyace a la patogénesis de múltiples enfermedades cardiovasculares. Las ratas espontáneamente hipertensas (SHR) constituye el modelo animal más utilizado para el estudio de la hipertensión esencial. Estudios previos han evidenciado un incremento en la proporción de megacariocitos y de sus células progenitoras en ratas SHR de cinco semanas de edad. Sin embargo, aunque se conoce que las células troncales mesenquimales (MSC) regulan a las células troncales hematopoyéticas (HSC) las cuales a su vez participan en la regulación de la megacariopoyesis aún se desconoce las posibles alteraciones que experimentan las MSC en médula ósea de este modelo. En este contexto, el presente trabajo propone analizar el perfil transcriptómico de MSC aisladas de médula ósea de SHR y compararlo con ratas normotensas (WKY) mediante RNA-seq. Con ello, se pretende identificar genes diferencialmente expresados y vías de señalización diferencialmente expresadas, que aporten información sobre los mecanismos moleculares involucrados en homeostasis de HSC y la fisiopatología de la hipertensión.

Palabras clave: Hipertensión, transcriptoma, expresión diferencial

Introducción:

La hipertensión arterial (HTA) es una enfermedad crónica que se caracteriza por el incremento sostenido de la presión arterial (PA) (140/90 mmHg o superior). Se estima que 1,400 millones de adultos de entre 30 y 79 años tienen hipertensión (2024); de los cuales se estima que al menos el 40% de estos individuos desconocen que la padecen (Organización Mundial de la Salud, 2025). La hipertensión es un factor de riesgo importante que subyace a la patogénesis de múltiples enfermedades cardiovasculares (accidente cerebrovascular, cardiopatía isquémica, insuficiencia cardíaca y cardiopatía hipertensiva) (Lewington et al., 2002) y está estrechamente asociado con la disregulación inflamatoria y la activación inmunitaria (Guzik, 2024) además de que se ha identificado como el principal factor de riesgo de mortalidad en adultos (Berenguer & Pérez, 2016).

Actualmente las ratas espontáneamente hipertensas (SHR) han sido el modelo animal más utilizado para el estudio de la hipertensión (Louis et al., 1990), esto se debe que este modelo presenta múltiples similitudes con la hipertensión esencial humana, entre estas, se incluye una predisposición genética a la PA alta sin etiología específica, un aumento de la resistencia periférica total sin expansión de volumen y respuestas similares al tratamiento farmacológico (Frohlich, 1988). Es conocido que las SHR presentan variaciones celulares durante la fase de prehipertensión en médula ósea y pulmón (Rojo et al., 2025), una de estas variaciones en médula ósea de SHR de 5 semanas de edad es el incremento del 25% en la densidad de megacariocitos y la pérdida de circularidad en comparación a lo reportado en ratas normotensas.

Las células troncales mesenquimales (MSC) son células progenitoras pluripotentes que poseen potencial de diferenciación multilínea y autorrenovación. En médula ósea las MSC regulan la homeostasis de las HSC las cuales a su vez participan en la regulación de la megacariopoyesis.



SELECCIÓN DE AISLADOS FÚNGICOS Y EVALUACIÓN DE SU CAPACIDAD DEGRADADORA DE TERMOPLÁSTICOS DE ALTO IMPACTO AMBIENTAL

Yvonne Ramírez-Cáceres^{1*}, Ninfa M. Rosas-García¹, Cipriano García-Gutierrez²

¹Laboratorio de Biotecnología Ambiental, Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Reynosa, Tamp., México., ²Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional, Instituto Politécnico Nacional. Unidad Sinaloa, Guasave, Sinaloa, México.

*yramirezc2102@alumno.ipn.mx; nrosas@ipn.mx

Resumen.- La alta demanda de polímeros sintéticos como el polietileno de baja densidad (LDPE), el polipropileno (PP) y el policloruro de vinilo (PVC) —ampliamente utilizados en productos de consumo cotidiano— contribuye a la contaminación por plásticos, la cual representa una de las problemáticas ambientales más grandes a nivel mundial. Por esto, diversas estrategias han sido propuestas con anterioridad, entre ellas, los hongos han despertado un gran interés gracias a su capacidad de producir enzimas extracelulares capaces de modificar moléculas complejas, lo que los posiciona como candidatos potenciales para el desarrollo de estrategias biotecnológicas orientadas al manejo de residuos. El presente trabajo tiene como objetivo obtener aislados fúngicos de residuos plásticos recuperados de ambientes contaminados para evaluar su capacidad degradadora de LDPE, PP y PVC. Para ello, se recolectaron fragmentos de plásticos de suelos contaminados, los cuales se procesaron mediante diluciones seriadas, y siembra por difusión en placas de agar Sabouraud dextrosa (SDA) con extracto de levadura al 1%. La purificación de los aislados se realizó mediante subcultivos. Los aislados obtenidos se someterán a una evaluación preliminar utilizando un medio de sales minerales suplementado con polvo de polímero (LDPE, PP y PVC) comercial, como única fuente de carbono. El crecimiento fúngico se evaluará por densidad óptica y aquellos que presenten mayor incremento —en comparación con los controles— serán seleccionados para evaluaciones posteriores. Los aislados seleccionados serán analizados mediante microrrespirometría para cuantificar la producción de CO₂ asociada al metabolismo del polímero, como indicador de su mineralización. A la par, se realizará la caracterización morfológica de los aislados, la evaluación de su perfil enzimático y su identificación molecular. La capacidad degradadora de los aislados que presenten la mayor producción de CO₂ se medirá mediante espectroscopía de infrarrojo (FT-IR) para determinar cambios en los grupos funcionales, porcentaje de degradación (peso), cromatografía de gases-espectrofotometría de masas (GC-MS) para detectar productos de degradación, y observación de la superficie degradada al microscopio electrónico de barrido (SEM). Los resultados, hasta el momento, arrojaron 54 aislados fúngicos diferentes provenientes de nueve muestras de residuos plásticos obtenidos de cuatro puntos distintos ubicados a lo largo de la carretera Reynosa-Monterrey y en cinco puntos distintos ubicados en Rancho Misión San Juan Cadereyta, N. L. México. Se espera que este trabajo permita obtener aislados fúngicos con capacidad de degradar termoplásticos, contribuyendo al conocimiento sobre la diversidad microbiana y al desarrollo de estrategias biotecnológicas para el manejo de los residuos.

Palabras clave: Hongos; ecología microbiana; biorremediación; gestión de residuos sólidos; sostenibilidad;

XXXI
JORNADAS ACADÉMICAS
DEL DOCTORADO
EN CIENCIAS EN
BIOTECNOLOGÍA



