



FRONTERA BIOTECNOLÓGICA



LIMNOSPIRA:

Innovación nutricional para el futuro de los alimentos

Nanopartículas

metálicas como plaguicidas en cultivos agrícolas, ventajas y retos de producción

El poder verde

de las fábricas vivientes de proteínas y metabolitos de alto valor

Colorantes textiles

una amenaza latente: La biotecnología como parte de la solución

Memorias de la XXVII

Jornadas Académicas del Doctorado en Ciencias en Biotecnología-IPN



LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Biología Genómica

Esta línea de investigación se enfoca en el estudio del potencial biotecnológico del genoma de virus, bacterias, hongos y plantas mediante el uso de tecnologías "Omicas" y biotecnología moderna (ingeniería genética, CRISPR-Cas), para impactar en la resolución de problemáticas de interés global como la mitigación de los efectos del cambio climático, la contaminación ambiental y la salud.

Biología Ambiental

Tiene como objeto el desarrollo, uso y regulación de sistemas biológicos para la remediación de ambientes contaminados (del suelo, aire y agua) y para procesos amigables con el medioambiente (tecnologías verdes y desarrollo sustentable).

Algunos proyectos se enfocan en:

- a) Aprovechamiento de residuos agroindustriales y pecuarios.
- b) Aplicación de microorganismos y sistemas enzimáticos para remoción de contaminantes.
- c) Producción de energías renovables.

Productos Naturales

Se enfoca en el aprovechamiento de metabolitos de origen natural, que sirvan como punto de partida para el desarrollo de alternativas terapéuticas.

Algunos de los proyectos son:

- a) Evaluación de efecto citotóxico para el desarrollo de antitumorales.
- b) Evaluación de efecto antihiper glucémico in vivo.
- c) Identificación de inhibidores enzimáticos (α -glucosidasa, aldosa reductasa, lipasa).



Centro de
Investigación en
Biotecnología
Aplicada
IPN-TLAXCALA

Nanobiotecnología

Comprende el uso y aplicación de elementos nanoestructurados, orgánicos e inorgánicos, para el desarrollo de:

- a) Biosensores y marcadores biológicos.
- b) Nano-encapsulados de uso alimentario.
- c) Nanotrasportadores de fármacos y otras aplicaciones.



Biotecnología Agroalimentaria

Realiza investigación de frontera para contribuir en las demandas de cadena alimentaria en forma integral.

Algunos de los proyectos están enfocados a:

- a) Incrementar rendimientos y valor nutricional de producción agrícola.
- b) Prolongar la vida útil de los alimentos.
- c) Aislar o concentrar principios bioactivos.
- d) Desarrollar nuevos productos.



Bioprocesos

Tiene la misión de establecer el desarrollo y establecimiento de los procesos de producción optimizando las etapas.

Algunos proyectos son:

- a) Producción de enzimas, colorantes, compuestos bioactivos.
- b) Biocatálisis.
- c) Transformación de biomasa vegetal en biocombustibles.
- d) Producción de biológicos para aplicación en salud humana y animal.
- e) Tecnología de biopreservación.





Directorio Institucional



Arturo Reyes Sandoval
Director General

Mauricio Igor Jasso Zaranda
Secretario General

Ismael Jaidar Monter
Secretario Académico

Ana Lilia Coria Páez
Secretaria de Investigación y Posgrado

Yessica Gasca Castillo
Secretaria de Innovación e Integración Social

Marco Antonio Sosa Palacios
Secretario de Servicios Educativos

Javier Tapia Santoyo
Secretario de Administración

José Alejandro Camacho Sánchez
Secretario Ejecutivo del Patronato de Obras e Instalaciones

Marx Yazalde Ortiz Correa
Abogado General

Modesto Cárdenas García
Presidente del Decanato

Marco Antonio Ramírez Urbina
Coordinador de Imagen Institucional

Diana Verónica Cortés Espinosa
Directora del CIBA-IPN, Tlaxcala

María del Carmen Cruz López
Subdirectora Académica del CIBA-IPN, Tlaxcala

Erik Ocaranza Sánchez
Subdirector de Vinculación del CIBA-IPN, Tlaxcala

Víctor Eric López y López
Editor en Jefe

Miriam Martínez Méndez
Coordinadora de Enlace y Gestión Técnica

Ismael Sánchez González
Unidad de Tecnología Educativa y Campus Virtual

Jaime Rivera Contreras
Diseño y Diagramación Frontera Biotecnológica

Pedro Ramírez Calva
Apoyo y Diseño de memorias de Jornadas Académicas de DCB

Gonzalo Pérez Araiza
Soporte Técnico

Lilia Espindola Rivera
Coordinadora Administrativa

ipn.mx

revistafronterabiotecnologica.cibatlaxcala.ipn.mx

rfronterab@ipn.mx

FRONTERA BIOTECNOLÓGICA, año 12, número 28, mayo - agosto 2024, es una publicación cuatrimestral editada por el Instituto Politécnico Nacional a través del Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada. Ex-Hacienda San Juan Molino Carretera Estatal Tecuexcomac - Tepetitla Km 1.5, Tlaxcala C.P. 90700, México. Conmutador IPN:57296000, Ext. 87816. <http://www.revistafronterabiotecnologica.cibatlaxcala.ipn.mx/>, Editor responsable: Dr. Víctor Eric López y López. Reserva de Derechos al Uso Exclusivo del Título No. 04-2015-120313501700-203, ISSN: 2448-8461, ambos otorgados por el Instituto Nacional del Derecho de Autor (INDAUTOR). Responsable de la última actualización de este número, Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada. Dr. Víctor Eric López y López., Ex-Hacienda San Juan Molino Carretera Estatal Tecuexcomac - Tepetitla Km 1.5, Tlaxcala C.P. 90700, fecha de última modificación, 11 de julio de 2024.

Las opiniones expresadas por los autores no necesariamente reflejan la postura del editor de la publicación.

Queda estrictamente prohibida la reproducción total o parcial de los contenidos e imágenes de la publicación sin previa autorización del Instituto Politécnico Nacional.

Contenido

6

Mensaje
Editorial

8

LIMNOSPIRA:
Innovación nutricional
para el futuro de los
alimentos

18

El poder verde de
las fábricas vivientes
de proteínas y
metabolitos de alto
valor

30

Nanopartículas metálicas
como plaguicidas en
cultivos agrícolas, ventajas
y retos de producción

42

Colorantes textiles una
amenaza latente: La
biotecnología como
parte de la solución

52

Memorias de la XXVII
Jornadas Académicas
del Doctorado en
Ciencias en
Biotecnología-IPN



Mensaje Editorial

Mayo 2024



Estimados lectores, luego de la reciente jornada electoral en México, queremos expresar nuestros mejores deseos a las nuevas autoridades. Con gran entusiasmo, esperamos contar con su respaldo a la comunidad académica y de investigación, para seguir contribuyendo juntos al desarrollo de nuestra sociedad y poner en alto a nuestro país desde nuestra trinchera. En nuestro número 28, les presentamos trabajos muy interesantes, en primer lugar, conoceremos las características generales y la composición nutricional de *Limnospira* una cianobacteria comestible que posee un valor nutricional comparable con fuentes vegetales convencionales y que fue consumida por los aztecas desde tiempos prehispánicos. En el mismo orden de ideas, abordaremos el tema sobre “el poder verde” al considerar a las plantas como biofábricas de productos valiosos, esto gracias a la transformación genética. Por ejemplo, imaginemos la posibilidad de ser vacunados contra diferen-

tes enfermedades simplemente comiendo un vegetal ¿No les parece sorprendente? Por otro lado, nos presentarán cómo las nanopartículas metálicas pueden ser utilizadas como alternativa para el control de plagas en cultivos agrícolas proponiendo ideas de desarrollos futuros. Y para cerrar con las contribuciones, conoceremos que la Biotecnología como herramienta sostenible nos ayudaría a la eliminación de colorantes textiles, los cuales son compuestos muy utilizados en la industria pero que generan un impacto muy negativo en los ecosistemas. Adicionalmente en nuestro número, tenemos el orgullo de presentarles 61 resúmenes presentados en las XXVII Jornadas Académicas del Doctorado en Ciencias en Biotecnología del Instituto Politécnico Nacional realizadas en mayo del presente en el CIIDIR Durango, nuestros futuros investigadores reconociéndoles su esfuerzo y dedicación por poner siempre, siempre...

“La Técnica al Servicio de la Patria”

Dr. Víctor Eric López y López
Editor en Jefe

LIMNOSPIRA: INNOVACIÓN NUTRICIONAL PARA EL FUTURO DE LOS ALIMENTOS

Mariana Inés Acateca-Hernández¹,
Aleida S. Hernández-Cázares¹,
Ma. Antonieta Ríos-Corripio^{2*}

¹Colegio de Postgraduados, Campus Córdoba,
Carretera Federal Córdoba-Veracruz km 348,
Congregación Manuel León, Amatlán de los
Reyes, Veracruz, 94953, México.

²CONAHCYT, Colegio de Postgraduados, Campus
Córdoba, Carretera Federal Córdoba-Veracruz km
348, Congregación Manuel León, Amatlán de los
Reyes, Veracruz, 94953, México.

*e-mail: rios.antonietta@colpos.mx





RESUMEN ABSTRACT

Limnospira surge como una fuente prometedora de proteínas, que transforma el CO₂, el nitrógeno atmosférico y la luz solar en varios compuestos bioactivos, que incluyen proteínas, carbohidratos, ácidos grasos, pigmentos, vitaminas y minerales. En comparación con las fuentes vegetales y animales convencionales, las cianobacterias proporcionan una alternativa proteica más sostenible, con altos niveles de proteínas totales (>50 % del peso seco) y una distribución equilibrada de aminoácidos esenciales y no esenciales adecuados para las necesidades nutricionales humanas. Las especies *Limnospira platensis* y *Limnospira maxima* ya se utilizan como productos alimenticios, se reconocen como "superalimentos" y se designan como "GRAS". Esta revisión proporciona una descripción completa de la composición nutricional de *Limnospira* y sus aplicaciones recientes en la investigación científica, considerando su potencial para posibles implementaciones en la industria alimentaria.

Palabras clave: Cianobacterias, *Limnospira*, Compuestos bioactivos, Incorporación en alimentos.

Limnospira emerges as a promising source of proteins, transforming CO₂, atmospheric nitrogen, and sunlight into valuable bioactive compounds, including proteins, carbohydrates, fatty acids, pigments, vitamins, and minerals. Compared to conventional plant and animal sources, cyanobacteria provide a more sustainable protein alternative, featuring high levels of total proteins (>50 % of dry weight) and a balanced distribution of essential and non-essential amino acids suitable for human nutritional requirements. The species *Limnospira platensis* and *Limnospira maxima* are already utilized as food products, recognized as "superfoods", and designated as "GRAS". This review provides a comprehensive overview of the nutritional composition of *Limnospira* and its recent applications in scientific research, considering its potential for possible implementations in the food industry.

Keywords: Cyanobacteria, *Limnospira*, Bioactive compounds, Incorporation in foods.

Introducción

Las cianobacterias son microorganismos autótrofos fotosintéticos que utilizan CO₂, nitrógeno atmosférico y luz solar para generar biomasa celular. Esta biomasa presenta niveles de proteínas que oscilan entre el 40-60 % en base seca (Almeida et al. 2021). El valor nutricional de las proteínas de cianobacterias es comparable, e incluso en algunos casos superior, al de las fuentes convencionales de proteínas vegetales (Lafarga 2019). El consumo histórico de las cianobacterias como alimento se remonta a miles de años y ha sido parte in-

tegral de diversas culturas (Rodríguez-Zúñiga et al. 2024). Incluso existen registros del siglo XVI en Tenochtitlán (actual Ciudad de México) por parte de los conquistadores españoles, que revelan que los aztecas consumían un pastel de color azul verdoso elaborado con *Limnospira* recolectada del lago de Texcoco (Habib et al. 2008). La propuesta de utilizar cianobacterias en aplicaciones alimentarias y bioquímicas se originó en 1952, siendo México pionero en el cultivo de *Limnospira* en la década de 1970 (Spolaore et al. 2006).

2

LIMNOSPIRA

El género *Limnospira*, conocido comercialmente como *Spirulina*, es una cianobacteria comestible que se caracteriza por su color azul-verdoso y singular geometría en espiral, formada por tricomas multicelulares con diámetros que oscilan entre 3 y 16 micras, y longitudes que varían de 100 a 500 micras (**Figura 1**) (Rodríguez-Zúñiga et al. 2024). Estas especies se cultivan en entornos acuáticos controlados para asegurar su calidad y seguridad alimentaria. Mostrando un crecimiento y productividad de biomasa óptimos en condiciones específicas de temperatura (30 a 35 °C), pH alcalino (8 a 11) y en presencia de radiación solar fotosintéticamente activa (400 a 700 nm), con niveles adecuados de oxígeno disuelto, salinidad y disponibilidad de nutrientes (de Jesus et al. 2018).



Figura 1. Micrografía de la cianobacteria *Limnospira*, ampliación 100x. Fuente: Elaboración propia (2023).

2.1. Composición nutricional de *Limnospira*

Limnospira es una cianobacteria fotosintética que constituye y da lugar a la formación de una biomasa rica en macro y micronutrientes (**Figura 2**). Esta biomasa incluye proteínas (50–60 %) con un índice de digestibilidad destacado (80–93 % en base seca) y un elevado valor nutricional, con proporciones de aminoácidos esenciales que representan el 47 % del contenido total de proteína (Almeida et al. 2021). No solo posee un alto contenido de proteínas, sino que también es rica en diversos compuestos bioactivos, tales como hidratos de carbono (15–24 %), ácidos grasos (6–7 %) ricos en ácidos grasos poliinsaturados (EPA, GLA y DHA), pigmentos (clorofilas, carotenoides, xantofilas y ficobiliproteínas), vitaminas, minerales y otros compuestos esenciales que ejercen efectos beneficiosos en la salud humana (López-Rodríguez et al. 2023).

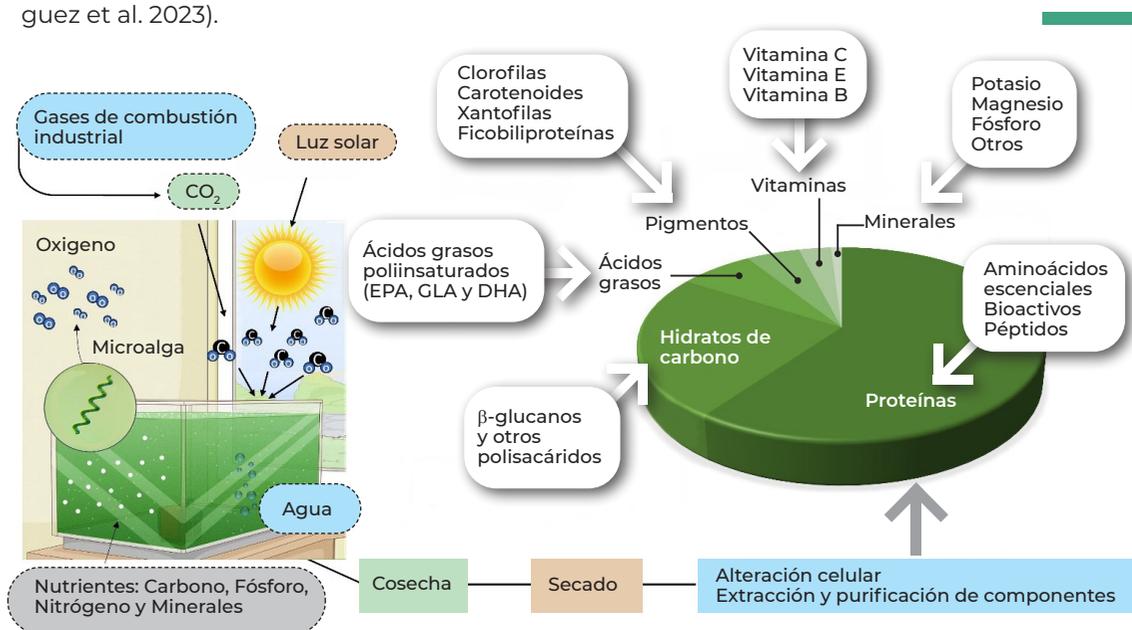


Figura 2. Biotecnología de cianobacterias para la obtención sostenible de compuestos bioactivos. Fuente: Elaboración propia a partir de Gohara-Beirigo et al. (2022).

2.2. *Limnospira* como recurso proteico potencial

Las proteínas de *Limnospira* presentan una distribución bien equilibrada de aminoácidos esenciales y no esenciales, con niveles significativos de valina, treonina, isoleucina, leucina, alanina, serina, prolina, arginina, ácido glutámico y aspártico (Lupatini et al. 2019). El contenido de proteínas y aminoácidos esenciales de *Limnospira*, supera al de las fuentes vegetales de proteínas convencionales y se asemeja al de las fuentes animales de proteína, como se detalla en la **Tabla 1**.

A pesar de la amplia variedad de especies de cianobacterias, solo algunas han obtenido la designación de "Generalmente Reconocido como Seguro" (GRAS, por sus siglas en inglés) otorgada por la Administración de Alimentos y Medicamentos (FDA) de los Estados Unidos (FDA 2016). Entre ellas, destacan las especies *Limnospira maxima* y *Limnospira platensis*, reconocidas como "superalimentos", definidos como "un alimento rico en nutrientes considerado especialmente beneficioso para la salud y el bienestar" (López-Rodríguez et al. 2023). Estas cianobacterias han sido ampliamente investigadas en la formulación de productos alimenticios, considerando su potencial para posibles implementaciones en la industria alimentaria (Lafarga 2019).

Composición de aminoácidos esenciales (g por 100 g de proteína)

Nombre genérico	Contenido de proteínas %	Isoleucina	Leucina	Lisina	Metionina + cisteína	Triptófano	Treonina	Valina	Fenilalanina + tirosina
Carne de res	18.06	3.47	7.08	8.05	4.34	1.35	3.03	4.33	5.18
Caseína	-	5.36	10.16	8.44	3.49	1.31	4.64	6.85	12.54
Harina de soja	38	4.72	8.51	6.34	2.43	1.14	3.84	4.91	9.66
Harina de trigo	10	3.34	6.85	2.66	3.87	1.12	2.93	4.27	7.78
<i>Limnospira maxima</i>	50-60	6	8	4.6	1.8	1.4	4.6	6.5	8.8
<i>Limnospira platensis</i>	46-63	6.7	9.8	4.8	3.4	0.3	6.2	7.1	10.6

Tabla 1. Contenido de proteínas y perfil de aminoácidos esenciales de *Limnospira* en comparación con fuentes de proteínas convencionales.

Fuente: Modificado de Becker (2013) y Jorfi et al. (2012).



2.3. Aplicación de *Limnospira* en alimentos

En la mayoría de las aplicaciones de cianobacterias en alimentos, se prefiere usar la biomasa celular completa debido a que es más económica y técnicamente viable (Lafarga 2019). Cuando se incorpora biomasa en la preparación de alimentos, el límite está determinado por la cantidad de producto que se consume. Hasta la fecha, la aplicación de *Limnospira* en diferentes productos alimenticios se ha utilizado ampliamente (Tabla 2).

La aplicación de *Limnospira* ofrece una solución eficiente para mejorar el contenido nutricional de productos horneados como pan, galletas y snacks salados. Además, estos productos destacan por su bajo contenido de humedad, lo que contribuye a prolongar su vida útil (Lafarga 2019). La adición de *S. platensis* en los "crostini" mejoró significativamente el contenido de proteínas, la capacidad antioxidante y los compuestos fenólicos (Niccolai et al., 2019). Asimismo, se ha observado que las galletas impresas en 3D que incorporan *S. platensis* mantienen su estructura y resistencia al horneado (Uribe-Wandurraga et al. 2021). Hasta la fecha, la mayoría de los estudios de investigación se han enfocado en mejorar las propiedades nutricionales y funcionales de diferentes productos horneados (Da Silva et al. 2021^a; Uribe-Wandurraga et al. 2019).

Los productos lácteos son ampliamente reconocidos como una valiosa fuente de nutrientes, con un consumo significativo a nivel mundial. La exploración de nuevas alternativas se enfoca en opciones beneficiosas para la salud al fomentar el crecimiento de la microflora láctica. Por ejemplo, la adición de *Spirulina* al queso feta mejoró su calidad microbiológica al incrementar significativamente el recuen-

Industria alimentaria	Producto Alimenticio	Contenido de microalgas	Referencias
Panadería	Galletas	<i>Spirulina platensis</i> <i>Spirulina maxima</i> 1-20 %	Batista et al. (2017); Onacik-Gür et al. (2017); da Silva et al. (2021a)
	Galletas impresas en 3D	<i>Spirulina platensis</i> 0.5-2.0 %	Uribe-Wandurraga et al. (2021)
	Palitos de pan	<i>Spirulina platensis</i> 1.5 %	Uribe-Wandurraga et al. (2019)
	Pan	<i>Spirulina</i> 1 y 3 %	Hafsa et al. (2014)
	Strudel	<i>Spirulina platensis</i> 0-1.5 %	Khosravi-Darani et al. (2017)
	Masa madre (crostini)	<i>Spirulina platensis</i> 2-10 %	Niccolai et al. (2019)
Lácteos	Queso feta	<i>Spirulina platensis</i> 0.5-1 %	Golmakani et al. (2019)
	Leche de chocolate en polvo	<i>Spirulina</i> sp. LEB-18 5.0-8.75 %	de Oliveira et al. (2021) Barkallah (2017)
	Yogurt	<i>Spirulina platensis</i> 0.25-1 %	Mostafa Mohammed et al. (2024)
	Bebida láctea	Microcápsulas de <i>Spirulina maxima</i> 3 %	
Cárnicos	Salchicha	<i>Spirulina</i> 1 %	Marti-Quijal et al. (2019 ^a)
	Cecina	<i>Spirulina</i>	Grahl et al. (2018)
	Chorizo	<i>Spirulina</i> 3%	Thirumdas et al. (2018)
	Hamburguesas	<i>Spirulina</i> 1 %	Marti Quijal et al. (2019 ^b); Žugčić et al. (2018)
	Pechuga de pavo	<i>Spirulina</i> 1 %	Marti Quijal et al. (2018)
	Pollo roti	<i>Spirulina</i> 1 %	Parniakov et al. (2018)
Procesamiento de frutas, verduras	Batido de frutas y verduras	<i>Spirulina</i> 2.2 %	Castillejo et al. (2018)
	Néctar de dátil	<i>Spirulina</i> 10 %	Aljobair et al. (2021)
	Sopa de brócoli	<i>Spirulina</i> sp. 0.5-2.0 %	Lafarga et al. (2019)
Extrusión	Bocadillos extruidos de Sémola de maíz	Péptidos bioactivos de <i>Spirulina</i> sp. LEB-18 2 %	da Silva et al. (2021 ^b) Lucas et al. (2018); Tańska et al. (2017)
	Snacks extruidos	<i>Spirulina platensis</i> 2-8 %	
Confitería	Chocolate blanco	<i>Spirulina platensis</i> 4 %	Özbal et al. (2022)
	Alimento en polvo con sabor a chocolate	<i>Spirulina</i> 750 mg/100 g	Santos et al. (2016)
Otros	Salsa funcional	<i>Spirulina platensis</i> 4 %	Almeida et al. (2021)
	Sopa deshidratada	<i>Spirulina platensis</i> 15 %	Los et al. (2018)
	Fideos secos	<i>Spirulina platensis</i> 0-11 %	Agustini et al. (2017)
	Geles con polímeros	<i>Spirulina maxima</i> 0.75-0.1 %	Batista et al. (2011)
	Kéfir vegetariano	<i>Spirulina platensis</i> 0.25-0.5 %	Sözeri-Atik et al. (2021)

Tabla 2. Aplicación de *Limnospira* en diferentes productos alimenticios.

to viable de *Lactobacillus casei*, al mismo tiempo que mantenía texturas más suaves (Golmakani et al. 2019). Además, la inclusión de *Spirulina* LEB 18 en la leche chocolatada mejoró el contenido proteico del producto y mantuvo cinco aminoácidos favorables para la salud (Oliveira et al. 2021). Finalmente, una bebida enriquecida con un 3 % de microcápsulas de *S. maxima* demostró atributos funcionales y potente propiedad antioxidante (Mostafa Mohammed et al. 2024).

La investigación en la producción de productos cárnicos saludables se enfoca en la incorporación y evaluación del impacto de las proteínas de cianobacterias como la espirulina. El objetivo principal es mejorar las propiedades nutricionales, como el enriquecimiento proteico y el perfil de aminoácidos, así como se analizan los cambios en las propiedades físico-químicas de estos productos (Grahl et al. 2018; Marti-Quijal et al. 2018; Marti-Quijal et al. 2019^a; Marti-Quijal et al. 2019^b; Parniakov et al. 2018; Thirumdas et al. 2018; Žugčić et al. 2018).

Nuevas tendencias en el procesamiento de bebidas se centran en la creación de productos de origen vegetal que incorporan compuestos beneficiosos para la salud, como vitaminas, ácidos grasos y minerales (Lafarga 2019). Un ejemplo de ello es la suplementación con *Spirulina* al 2.2 % en un batido verde,

que ha demostrado mantener el contenido más alto de vitamina B12 a lo largo de una vida útil de 17 días (Castillejo et al. 2018). Al mismo tiempo, la sustitución del 10 % de espirulina en un néctar de dátil no solo mejoró la calidad nutricional en términos de ácidos grasos saturados e insaturados en un 44.1 y 55.7 %, respectivamente, sino que también fue bien aceptada desde el punto de vista sensorial (Aljobair et al. 2021).

Otros nuevos productos de consumo práctico, más saludables y con diversas texturas, formas y sabores, son los extruidos que incluyen *Spirulina* sp. LEB 18, conocidos por su potencial antioxidante (da Silva et al. 2021^b), alto valor nutricional y aceptación sensorial (Lucas et al. 2018). El desarrollo de snacks enriquecidos no solo ofrece estos beneficios, sino que también combina versatilidad y comodidad en su producción. La utilización de *Limnospira* también se ha investigado en otros productos alimenticios enriquecidos con potencial antioxidante y nutricional, como chocolates, salsas, fideos y geles (Agustini et al. 2017; Almeida et al. 2021; Batista et al. 2011; Los et al. 2018; Özbal et al. 2022). La adición de *S. platensis* al kéfir vegano fortificado resultó en una mejora significativa tanto en el potencial prebiótico como en la calidad bioactiva del producto (Sözeri-Atik et al. 2021).

3

CONCLUSIONES

Las cianobacterias representan nuevas fuentes potenciales de macro y micronutrientes. Gracias a su alto contenido proteico y distribución equilibrada de aminoácidos esenciales, se abren posibilidades para la elaboración de diversos productos alimenticios, generando interés tanto en consumidores como en la industria dedicada a la innovación de productos. Investigaciones diversas han confirmado que la inclusión de cianobacterias en sistemas alimentarios mejora las propiedades nutricionales, funcionales, antioxidantes y la vida útil de los productos finales, consolidándose como una opción prometedora para mejorar la calidad de la producción alimentaria. Aunque en la actualidad existen pocos productos disponibles comercialmente, se espera que la colaboración entre la industria y la investigación en este ámbito conduzca a la introducción de una amplia variedad de nuevos alimentos en el mercado.

4

AGRADECIMIENTOS

Colegio de Postgraduados – Campus Córdoba y a la Maestría en Ciencias en Innovación Agroalimentaria Sustentable LGAC-2.



- Agustini TW, Ma'rif WF, Widayat, Wibowo B.A, Hadiyanto (2017) Study on the effect of different concentration of *Spirulina platensis* paste added into dried noodle to its quality characteristics. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science 55, 012068. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/55/1/012068>
- Aljobair MO, Albaridi NA, Alkuraieef AN, AlKehayez NM (2021) Physicochemical properties, nutritional value, and sensory attributes of a nectar developed using date palm puree and *Spirulina*. International Journal of Food Properties, 24(1), 845-858. <https://doi.org/10.1080/10942912.2021.1938604>
- Almeida LMR, Cruz LF da S, Machado BAS, Nunes IL, Costa JAV, Ferreira EdeS, Lemos PVF, Druzian JI, Souza CO de (2021) Effect of the addition of *Spirulina* sp. Biomass on the development and characterization of functional food. Algal Research, 58, 102387. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2021.102387>
- Barkallah M, Dammak M, Louati I, Hentati F, Hadrich B, Mechichi T, Ayadi MA, Fendri I, Attia H, Abdelkafi S (2017) Effect of *Spirulina platensis* fortification on physicochemical, textural, antioxidant and sensory properties of yogurt during fermentation and storage. LWT, 84, 323-330. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2017.05.071>
- Batista AP, Niccolai A, Fradinho P, Fragoso S, Bursic I, Rodolfi L, Biondi N, Tredici MR, Sousa I, Raymundo A (2017) Microalgae biomass as an alternative ingredient in cookies: sensory, physical and chemical properties, antioxidant activity and in vitro digestibility. Algal Res 26:161-171. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2017.07.017>
- Batista AP, Nunes MC, Raymundo A, Gouveia L, Sousa I, Cordobés F, Guerrero A, Franco JM (2011) Microalgae biomass interaction in biopolymer gelled systems. Food Hydrocolloids, 25(4), 817-825. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2010.09.018>
- Becker EW (2013) Microalgae for human and animal nutrition. En A. Richmond and Q. Hu (Eds.), Handbook of Microalgal Culture (1a ed., pp. 461-503). Wiley. <https://doi.org/10.1002/9781118567166.ch25>
- Castillejo N, Martínez-Hernández GB, Goffi V, Gómez PA, Aguayo E, Artés F, Artés-Hernández F (2018) Natural vitamin B12 and fucose supplementation of green smoothies with edible algae and related quality changes during their shelf life. Journal of the Science of Food and Agriculture, 98(6), 2411-2421. <https://doi.org/10.1002/jsfa.8733>
- da Silva PC, Toledo T, Brião V, Bertolin TE, Costa JAV (2021b) Development of extruded snacks enriched with bioactive peptides from microalga *Spirulina* sp. LEB 18. Food Bioscience, 42, 101031. <https://doi.org/10.1016/j.fbio.2021.101031>
- da Silva SP, do Valle AF, Perrone D (2021a) Microencapsulated *Spirulina maxima* biomass as an ingredient for the production of nutritionally enriched and sensorially well-accepted vegan biscuits. LWT, 142, 110997. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.110997>
- de Jesus CS, da Silva UL, Costa SS, Miranda AL, de Moraes EG, de Moraes MG, Costa JAV, Nunes IL, de Souza FE, Druzian JI (2018) Outdoor pilot-scale cultivation of *Spirulina* sp. LEB-18 in different geographic locations for evaluating its growth and chemical composition. Bioresource Technology, 256, 86-94. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2018.01.149>
- de Oliveira TTB, Miranda Dos Reis I, Bastos De Souza M, Da Silva Bispo E, Fonseca Maciel L, Druzian JI, Lordelo Guimarães Tavares PP, De Oliveira Cerqueira A, Dos Santos Boa Morte E, Abreu Glória MB, Lima Deus V, Radomille De Santana LR (2021) Microencapsulation of *Spirulina* sp. LEB-18 and its incorporation in chocolate milk: Properties and functional potential. LWT, 148, 111674. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.111674>
- FDA (2016) Food and Drug Administration. Inventory of generally regard as Safe notices. <https://www.cfsanappsexternal.fda.gov/scripts/fdcc/?set=GRASNotices> Consultado el 21 de diciembre de 2023.
- Gohara-Beirigo AK, Matsudo MC, Cezare-Gomes EA, Carvalho JCMD, Danesi E D. C (2022) Microalgae trends toward functional staple food incorporation: Sustainable alternative for human health improvement. Trends in Food Science & Technology, 125, 185-199. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2022.04.030>
- Golmakani MT, Soleimani-Zad S, Alavi N, Nazari E, Eskandari MH (2019) Effect of *Spirulina* (*Arthrospira platensis*) powder on probiotic bacteriologically acidified feta-type cheese. Journal of Applied Phycology, 31(2), 1085-1094. <https://doi.org/10.1007/s10811-018-1611-2>
- Grahl S, Strack M, Weinrich R, Mörlein D (2018) Consumer-oriented product development: The conceptualization of novel food products based on spirulina (*Arthrospira platensis*) and resulting consumer expectations. Journal of Food Quality, 2018, e1919482. <https://doi.org/10.1155/2018/1919482>
- Habib MAB, Pariv M, Huntington TC, Hasan MR (2008) A Review on Culture, Production and Use of *Spirulina* as Food for Humans and Feeds for Domestic Animals and Fish. FAO Fisheries and Aquaculture Circular No. (1034). Food and Agriculture Organization (FAO) of the United Nations, Rome.
- Hafsa YA, Amel D, Samia S, Sidahmed S (2014) Evaluation of nutritional and sensory properties of bread enriched with *Spirulina*. Ann Food Sci Technol 15:270-275.
- Jorfi R, Mustafa S, Che-Man YB, Mat-Hashim DB, Sazili AQ, Farjam AS, Nateghi L, Kashiani P (2012) Differentiation of pork from beef, chicken, mutton and chevon according to their primary amino acids content for halal authentication. African Journal of Biotechnology, 11(32), 8160-8166. <https://doi.org/10.5897/AJB11.3777>
- Khosravi-Darani K, Gholami Z, Gouveia L (2017) Effect of *Arthrospira platensis* on the shelf life, sensorial and rheological properties of strudel. Rom. Biotechnol. Lett. 22, 12250-12258.
- Lafarga T (2019) Effect of microalgal biomass incorporation into foods: Nutritional and sensorial attributes of the end products. Algal Research, 41, 101566. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2019.101566>
- Lafarga T, Acien-Fernández FG, Castellari M, Villaró S, Bobo G, Aguiló-Aguayo I. (2019) Effect of microalgae incorporation on the physicochemical, nutritional, and sensorial properties of an innovative broccoli soup. LWT, 111, 167-174. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2019.05.037>

- López-Rodríguez A, Mayorga J, Flaig D, Fuentes G, Hernández V, Gómez PI (2023) Genetic characterization and assessment of the biotechnological potential of strains belonging to the genus *Arthrospira/Limnospira* (*Cyanophyceae*) deposited in different culture collections. *Algal Research*, 73, 103164. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2023.103164>
- Los PR, Simões DRS, de Leone R S, Bolanho BC, Crdoso T, Danesi EDG (2018) Viability of peach palm by-product, *Spirulina platensis*, and spinach for the enrichment of dehydrated soup. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 53(11), 1259-1267. <https://doi.org/10.1590/s0100-204x2018001100008>
- Lucas BF, de Morais MG, Santos TD, Costa JAV (2018) *Spirulina* for snack enrichment: Nutritional, physical and sensory evaluations. *LWT*, 90, 270-276. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2017.12.032>
- Lupatini ALM, Souza LESD, Colla LM, Costa JAV, Sehn E, Bittencourt PRS, Moraes Flores ÉLD, Canan C, Colla E (2019) Investigation of techno-functional and physicochemical properties of *Spirulina platensis* protein concentrate for food enrichment. *LWT*, 114, 108267. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2019.108267>
- Marti-Quijal FJ, Zamuz S, Galvez F, Roohinejad S, Tiwari BK, Gómez B, Barba FJ, Lorenzo JM (2018) Replacement of soy protein with other legumes or algae in turkey breast formulation: Changes in physicochemical and technological properties. *Journal of Food Processing and Preservation*, 42(12), e13845. <https://doi.org/10.1111/jfpp.13845>
- Marti-Quijal FJ, Zamuz S, Tomašević I, Gómez B, Rocchetti G, Lucini L, Remize F, Barba FJ, Lorenzo JM (2019a) Influence of different sources of vegetable, whey and microalgae proteins on the physicochemical properties and amino acid profile of fresh pork sausages. *LWT*, 110, 316-323. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2019.04.097>
- Marti-Quijal FJ, Zamuz S, Tomašević I, Rocchetti G, Lucini L, Marszałek K, Barba FJ, Lorenzo JM (2019b) A chemometric approach to evaluate the impact of pulses, *Chlorella* and *Spirulina* on proximate composition, amino acid, and physicochemical properties of turkey burgers. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 99(7), 3672-3680. <https://doi.org/10.1002/jsfa.9595>
- Mostafa Mohammed D, El-Messery TM, Baranenko DA, Hashim MA, Tyutkov N, Marrez DA, Elmessery WM, El-Said MM (2024) Effect of *Spirulina maxima* microcapsules to mitigate testicular toxicity induced by cadmium in rats: Optimization of in vitro release behavior in the milk beverage. *Journal of Functional Foods*, 112, 105938. <https://doi.org/10.1016/j.jff.2023.105938>
- Niccolai A, Venturi M, Galli V, Pini N, Rodolfi L, Biondi N, D'Ottavio M, Batista AP, Raymundo A, Granchi L, Tredici MR (2019) Development of new microalgae-based sourdough "crostini": Functional effects of *Arthrospira platensis* (*Spirulina*) addition. *Scientific Reports*, 9(1), 19433. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-55840-1>
- Onacik-Gür S, Zbikowska A, Majewska B (2017) Effect of *Spirulina* (*Spirulina platensis*) addition on textural and quality properties of cookies. *Ital. J. Food Sci.* 30, 1-12. <https://doi.org/10.14674/IJFS-702>
- Özbal B, Çelekli A, Gün D, Bozkurt H (2022) Effect of *Arthrospira platensis* incorporation on nutritional and sensory attributes of white chocolate. *International Journal of Gastronomy and Food Science*, 28, 100544. <https://doi.org/10.1016/j.ijgfs.2022.100544>
- Parniakov O, Toepfl S, Barba FJ, Granato D, Zamuz S, Galvez F, Lorenzo JM (2018) Impact of the soy protein replacement by legumes and algae based proteins on the quality of chicken rotti. *Journal of Food Science and Technology*, 55(7), 2552-2559. <https://doi.org/10.1007/s13197-018-3175-1>
- Rodríguez-Zúñiga D, Méndez-Zavala A, Solís-Quiroz O, Morales-Oyervides L, Montañez-Saénz JC, Benavente-Valdés JR (2024) Chapter 1 — Biology and composition of microalgae and cyanobacteria. T Lafarga, G Acien (Eds.), *Sustainable Industrial Processes Based on Microalgae* (pp. 1-22). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-443-19213-5.00001-7>
- Santos TD, Freitas BCBD, Moreira JB, Zanfonato K, Costa JAV (2016) Development of powdered food with the addition of *Spirulina* for food supplementation of the elderly population. *Innovative Food Science & Emerging Technologies*, 37, 216-220. <https://doi.org/10.1016/j.ifset.2016.07.016>
- Sőzeri-Atik D, Gürbüz B, Bölük E, Palabyık İ (2021) Development of vegan kefir fortified with *Spirulina platensis*. *Food Bioscience*, 42, 101050. <https://doi.org/10.1016/j.fbio.2021.101050>
- Spolaore P, Joannis-Cassan C, Duran E, Isambert A (2006) Commercial applications of microalgae. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 101(2), 87-96. <https://doi.org/10.1263/jbb.101.87>
- Tańska M, Konopka I, Ruszkowska M (2017) Sensory, physico-chemical and water sorption properties of corn extrudates enriched with *Spirulina*. *Plant Foods Hum. Nutr.* 72, 250-257. <https://doi.org/10.1007/s11130-017-0628-z>
- Thirumdas R, Brnčić M, Brnčić SR, Barba FJ, Gálvez F, Zamuz S, Lacomba R, Lorenzo JM (2018) Evaluating the impact of vegetal and microalgae protein sources on proximate composition, amino acid profile, and physicochemical properties of fermented Spanish "chorizo" sausages. *Journal of Food Processing and Preservation*, 42(11), e13817. <https://doi.org/10.1111/jfpp.13817>
- Uribe-Wandurruga ZN, Igual M, García-Segovia P, Martínez-Monzó J (2019) Effect of microalgae addition on mineral content, colour and mechanical properties of breadsticks. *Food & Function*, 10(8), 4685-4692. <https://doi.org/10.1039/C9FO00286C>
- Uribe-Wandurruga ZN, Igual M, Reino-Moyón J, García-Segovia P, Martínez-Monzó J (2021) Effect of microalgae (*Arthrospira platensis* and *Chlorella vulgaris*) addition on 3d printed cookies. *Food Biophysics*, 16(1), 27-39. <https://doi.org/10.1007/s11483-020-09642-y>
- Žugčić T, Abdelkebir R, Barba FJ, Rezek-Jambrak A, Gálvez F, Zamuz S, Granato D, Lorenzo JM (2018) Effects of pulses and microalgal proteins on quality traits of beef patties. *Journal of Food Science and Technology*, 55(11), 4544-4553. <https://doi.org/10.1007/s13197-018-3390-9>



El poder verde de las fábricas vivientes de proteínas y metabolitos de alto valor

Vera Hernández Pedro Fernando^{1*},
Rosas Cárdenas Flor de Fátima²

¹Universidad Autónoma del Estado de México, Facultad de Química, Paseo Colón S/N, Residencial Colón, 50120, Toluca, Estado de México

²Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada-IPN, Ex-Hacienda San Juan Molino Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5, Tlaxcala C.P. 90700, México Tel. +52 248-48707-65.

Autor de correspondencia:
Dr. Pedro Fernando Vera Hernández,
correo: pfverah@uaemex.mx





RESUMEN

La capacidad natural para sintetizar y ensamblar compuestos biológicos de las plantas ha permitido su uso como biofábricas capaces de producir una amplia gama de productos valiosos. Este artículo examina el potencial revolucionario de las plantas como biofábricas para la producción de proteínas y metabolitos valiosos. Se destacan las ventajas distintivas de las plantas, incluida su capacidad para producir a gran escala, su bajo costo y su manipulación genética eficiente. A pesar de desafíos regulatorios y ambientales, las perspectivas futuras son alentadoras. La mejora continua en la eficiencia de producción, así como la diversificación de productos, promete otorgar a las plantas un papel más destacado en la medicina, la agricultura sostenible y la biotecnología. Este "poder verde" no solo redefine la obtención de compuestos valiosos, sino que también anticipa un futuro donde las plantas, como fábricas biológicas versátiles, desempeñan una función central en la resolución de desafíos globales y en la mejora de nuestro bienestar.

Palabras clave: Biotecnología vegetal, Biofábricas verdes, Proteínas recombinantes, Metabolitos de alto valor, Modificación genética de plantas.

ABSTRACT

This article explores the revolutionary potential of plants as biofactories for producing valuable proteins and metabolites, leveraging their innate ability to synthesize biological compounds. We emphasize the distinct advantages of plants, encompassing large-scale production capability, cost-effectiveness, and efficient genetic manipulation. Despite regulatory and environmental challenges, the future outlook is promising. Ongoing enhancements in production efficiency and product diversification portend an increasingly prominent role for plants in medicine, sustainable agriculture, and biotechnology. This "green power" not only redefines the acquisition of valuable compounds but also envisions a future where plants, serving as versatile biological factories, play a central role in addressing global challenges and enhancing our overall well-being.

Introducción

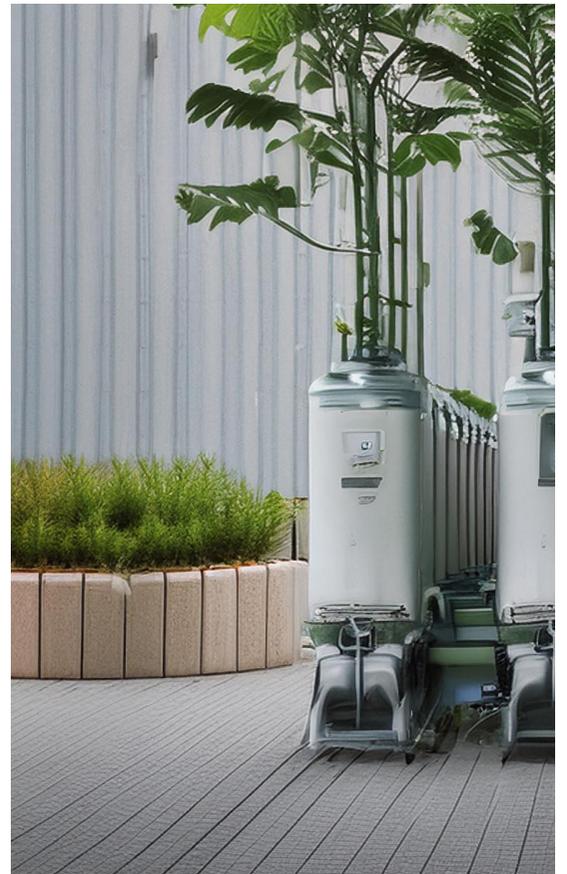
En el campo de la biotecnología, los científicos han aprovechado un potencial escondido en nuestro entorno natural: las plantas. Además de su importante función en el ecosistema, su papel en la producción de oxígeno, y tantas otras funciones, se ha demostrado que las plantas poseen un potencial sorprendente como fábricas vivientes. En este artículo, se analiza cómo las plantas se han convertido en herramientas poderosas en la producción de proteínas recombinantes y metabolitos especializados. Esta tecnología ha generado un impacto significativo en diversas áreas, incluyendo la medicina, la agricultura sostenible, la biotecnología y la industria alimentaria.

La producción de proteínas recombinantes y metabolitos especializados es fundamental para el avance científico y el desarrollo de productos innovadores. Estas moléculas desempeñan un papel crucial en numerosos campos, como la fabricación de medicamentos y vacunas para el tratamiento y prevención de enfermedades (Walsh, 2014), la mejora de cultivos y la producción de ingredientes para la industria alimentaria. Sin embargo, tradicionalmente, su obtención ha sido un proceso complejo y costoso (Demain & Vaishnav, 2009). Aquí es donde las plantas entran en escena. Gracias a sus capacidades biológicas, las plantas pueden ser modificadas genéticamente para actuar como bio-fábricas, produciendo moléculas valiosas de manera eficiente y económica. Este enfoque no solo ha demostrado ser prometedor, sino



que también ha brindado nuevas oportunidades para abordar desafíos globales, como el acceso a medicamentos, la seguridad alimentaria y la sostenibilidad ambiental. Además, el uso de plantas como sistemas de producción ofrece ventajas adicionales, como una mayor escalabilidad (Twyman, Schillberg, & Fischer, 2013), menor impacto ambiental (Ma, Drake, & Christou, 2003) y una producción más segura y ética (Daniell, Streatfield, & Wycoff, 2001). en comparación con otros métodos convencionales.

Este artículo, analiza cómo la ingeniería genética de plantas ha permitido aprovechar el poder verde de la naturaleza para producir proteínas recombinantes y metabolitos especializados de alto valor. Se describen ejemplos de éxito en diversas aplicaciones y las perspectivas futuras de esta área de investigación.



2

El poder verde: Las plantas como modelos de producción de metabolitos y proteínas

La capacidad natural de las plantas para sintetizar proteínas y metabolitos ha sido fundamental en su evolución y adaptación a diferentes entornos. Estas moléculas desempeñan un papel crucial en el crecimiento, la defensa contra patógenos y la comunicación celular dentro de las plantas (Suárez-Medina & Coy-Barrera, 2016). Pero los científicos han descubierto cómo aprovechar estas habilidades inherentes de las plantas para producir compuestos con aplicaciones en la medicina, la agricultura y más.

Las plantas son auténticas fábricas vivientes, capaces de llevar a cabo procesos bioquímicos sofisticados (Fiehn & Fiehn, 2001). Mediante la ingeniería genética, los científicos pueden introducir genes específicos en el genoma de una planta, otorgándole nuevas habilidades para producir proteínas recombinantes y metabolitos especializados. Estas modificaciones genéticas permiten que las plantas se conviertan en biorreactores, generando compuestos valiosos de una manera altamente eficiente (Mett et al., 2008).

El uso de plantas como biofábricas presenta numerosas ventajas. En primer lugar, las plantas tienen la capacidad de producir proteínas y metabolitos complejos y funcionales, los cuales son difíciles de obtener mediante otros sistemas de producción (Hellwig et al., 2004). Además, la escalabilidad de la producción vegetal permite la obtención de grandes cantidades de estos compuestos, lo que resulta especialmente relevante en la producción de medicamentos y otros productos de alto valor (Chen et al., 2013). Además, las plantas son organismos sostenibles y amigables con el medio ambiente. Aprovechar su capacidad natural para producir proteínas y metabolitos reduce la necesidad de métodos de producción convencionales, como el cultivo de cé-



lulas bacterianas (Lee et al, 2015) o de mamíferos (Wurm, 2004), que pueden ser costosos y perjudiciales para el ecosistema. Esto promueve una producción más sostenible (Chen et al., 2013).

A medida que los científicos exploran diferentes sistemas de producción, como células bacterianas o células de mamíferos, se han encontrado con numerosas ventajas al aprovechar el poder de las plantas. Una de las principales ventajas de utilizar plantas como sistemas de producción es su capacidad natural para sintetizar y ensamblar una amplia gama de moléculas biológicas (Hellwig et al., 2004). Las plantas son autótrofas, lo que significa que pueden producir su propio alimento a través de la fotosíntesis. Esto les proporciona otra ventaja, ya que pueden convertir la energía solar, en combinación del dióxido de carbono de la atmósfera y nutrientes de suelo en compuestos orgánicos esenciales para su crecimiento y desarrollo (Maloof, 2017). Al aprovechar esta habilidad, los científicos pueden generar plantas para que produzcan proteínas y metabolitos específicos de interés. Además, las plantas ofrecen una plataforma de producción rentable y escalable. Son organismos grandes y pueden producir grandes cantidades de biomasa en comparación con las células bacterianas o de mamíferos utilizadas en otros sistemas de producción. Esto reduce significativamente los costos asociados con la producción y purificación de los productos deseados (Chen et al., 2013).

Otra ventaja importante es la seguridad y la facilidad de manipulación genética de las plantas (Stewart et al., 2018). La tecnología genética ha avanzado considerablemente, lo que permite a los científicos modificar y optimizar los genes de las plantas de manera precisa. Esto significa que es posible introducir o aumentar la producción de proteínas y metabolitos específicos en las plantas de manera eficiente. También hay una ventaja adicional en términos de seguridad, ya que las plantas

son menos propensas a contaminaciones y no transmiten enfermedades humanas (Dirisala et al., 2017). Por último, el uso de plantas en la producción de proteínas y metabolitos de alto valor tiene un menor impacto ambiental en comparación con otros sistemas. Las plantas son naturalmente renovables y su cultivo requiere menos recursos en comparación con los sistemas de producción basados en células bacterianas o de mamíferos. Esto puede contribuir a una producción más sostenible y respetuosa con el medio ambiente (Ma et al., 2003).

3

Ingeniería genética de plantas

Los científicos han logrado modificar genéticamente las plantas para convertirlas en bio-fábricas. Estas modificaciones genéticas se basan en el conocimiento y la comprensión de los genes y los mecanismos que controlan el adecuado desarrollo y crecimiento de las plantas, así como de los genes y mecanismos que permiten la producción de proteínas y metabolitos de interés en las plantas.

El primer paso para modificar genéticamente una planta es identificar el gen de interés, que es responsable de producir la proteína o el metabolito deseado. Este gen puede provenir de la misma planta o de una especie completamente diferente (Ahmad et al., 2010). Una vez identificado, el gen se aísla y se inserta en el ADN de la planta objetivo. Esto se logra mediante técnicas de transferencia de genes, que permite introducir nuevo material genético en las plantas (Hellwig et al., 2004).

Para insertar el gen en el ADN de la planta, se utilizan vectores genéticos especiales, como plásmidos bacterianos o virus modificados, que actúan como vehículos para transportar el gen a las células de la planta. Estos vecto-

res contienen secuencias de ADN específicas que permiten la integración del gen en el genoma de la planta (Ma et al., 2003). Así mismo, se han establecido diferentes técnicas que permiten introducir la secuencia de ADN del vector dentro de la planta, siendo la más comunes las técnicas de cultivo de tejidos vegetales para regenerar plantas completas a partir de células modificadas. Una vez que el gen ha sido insertado en el ADN de la planta, estas plantas modificadas genéticamente, conocidas como plantas transgénicas, heredan el gen de interés y son capaces de producir la proteína recombinante o el metabolito especializado (Hellwig et al., 2004).

Es importante destacar que los científicos también pueden introducir cambios en la expresión de los genes endógenos de la planta para aumentar la producción de la proteína o el metabolito deseado (Verma & Daniell, 2007). Esto se logra mediante la modificación de las regiones reguladoras del ADN que controlan

la actividad de los genes. Al modificar estas regiones, los científicos pueden aumentar la producción de proteínas o metabolitos específicos en las plantas. Una vez que las plantas transgénicas han sido cultivadas y alcanzan la etapa de desarrollo adecuada, se pueden cosechar y procesar para extraer la proteína recombinante o el metabolito especializado. Estos productos pueden tener aplicaciones en una amplia gama de industrias, como la medicina, la agricultura y la alimentación.

Una de las técnicas clave utilizadas en ingeniería genética es la transformación (**Figura 1**), que permite la introducción de genes específicos en el ADN de las plantas, desencadenando así la producción de compuestos valiosos. Una de las técnicas comunes es la transformación mediante *Agrobacterium tumefaciens*, que es una bacteria que tiene la capacidad natural de transferir parte de su ADN a las células de las plantas. Los científicos pueden aprovechar este proceso natural y manipular *Agrobacte-*

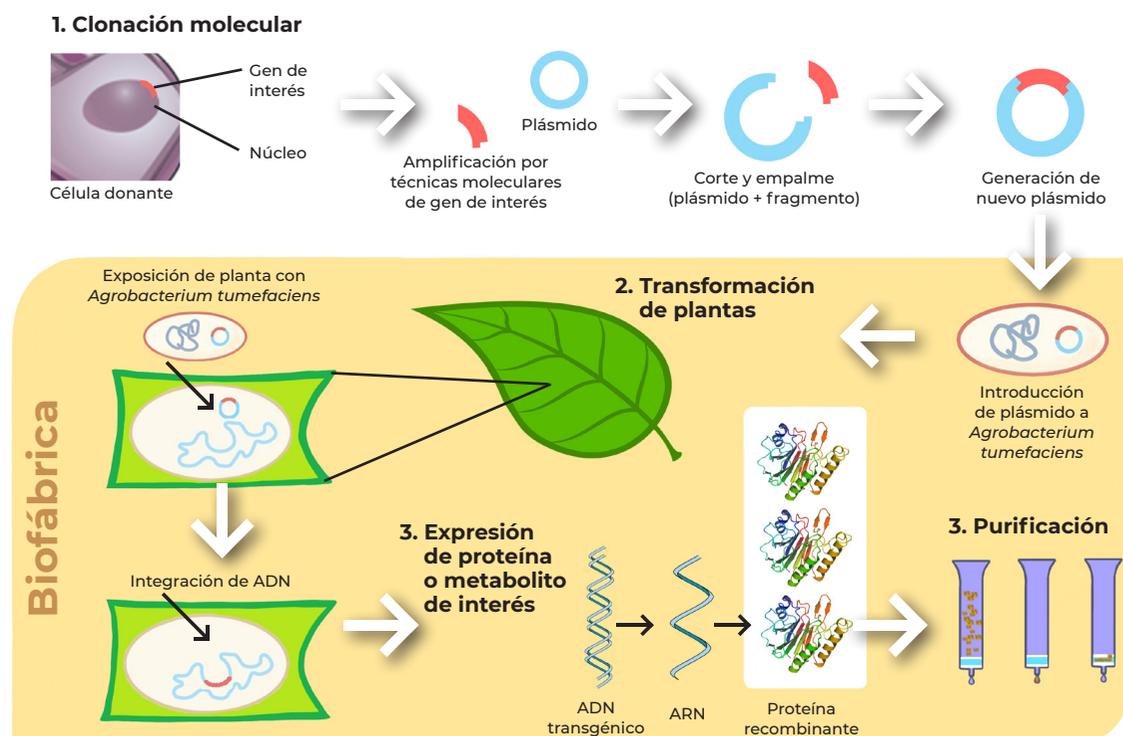


Figura 1. Ingeniería genética en plantas: De la clonación del gen a la producción de proteínas y metabolitos especializados. Se ilustra el proceso de ingeniería genética en plantas, donde los científicos introducen genes específicos en el genoma de una planta. Esta modificación genética confiere a la planta nuevas habilidades para producir proteínas recombinantes y metabolitos especializados, convirtiéndola en una biofábrica.

rium tumefaciens para que lleve el gen de interés en lugar de su propio ADN. Una vez que la bacteria infecta las células de la planta, el gen se integra en el ADN de la planta y se hereda en las células descendientes de la propia planta, permitiendo la producción de la proteína o el metabolito deseado (Chen et al., 2013). Otra técnica utilizada es la transformación mediante biobalística o bombardeo de partículas. En este enfoque, pequeñas partículas recubiertas con el gen de interés se disparan a alta velocidad hacia las células vegetales utilizando una pistola de partícu-

las. Al impactar con las células, las partículas entregan el gen, que se inserta en el ADN de la planta (Fischer et al., 1999). Además de estas técnicas, también se utilizan métodos de transformación genética como la electroporación, que involucra la aplicación de pulsos eléctricos para abrir brevemente los poros de las células y permitir la entrada del gen (Povtin & Zhang, 2010). Es importante destacar que, independientemente de la técnica utilizada, los científicos se esfuerzan por asegurar que la transferencia de genes sea selectiva y precisa.

Ejemplos de aplicaciones

Medicina: Las plantas han sido modificadas genéticamente para producir distintos tipos de fármacos. A continuación, se resume en forma de tabla algunos ejemplos de estos bio-productos (**Tabla 1**).

Nombre genérico	Padecimiento	Planta/Cultivo	Información Adicional
Anticuerpo monoclonal contra el virus de Ebola	Prevención de la infección por el virus de Ebola	Tabaco (<i>Nicotiana benthamiana</i>)	Anticuerpo monoclonal producido en tabaco dirigido contra la Glicoproteína superficial del virus (González-González et al., 2017).
Artemisinina	Malaria y paludismo	<i>Artemisia annua</i>	Antimalárico producido en plantas como alternativa más económica a la producción química (Bridgford et al., 2018).
Insulina	Diabetes	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Producción de insulina humana en plantas como método más rentable.
Eritropoyetina	Anemia	Tabaco (<i>Nicotiana tabacum</i>)	Se utiliza para promover la replicación de los eritrocitos en pacientes con deficiencia renal (Karkí et al., 2022).
Factor de crecimiento Epidérmico Humano	Heridas y quemaduras, Pie diabético.	Tabaco (<i>Nicotiana tabacum</i>)	Se utiliza para promover la curación y regeneración de tejidos en quemaduras graves y heridas (Wang et al., 2023).
Vacuna contra la hepatitis B	Hepatitis B	Tabaco (<i>Nicotiana tabacum</i>)	Vacuna producida en plantas que ofrece una alternativa más asequible para la inmunización contra la hepatitis B (Gleba et al., 2005).

Tabla 1. Ejemplos de productos farmacéuticos obtenidos mediante modificación genética de plantas.

Bridgford, J. L., Xie, S. C., Cobbold, S. A., Pasaje, C. F. A., Herrmann, S., Yang, T., Gillett, D. L., Dick, L. R., Ralph, S. A., Dogovski, C., Spillman, N. J., & Tilley, L. (2018). Artemisinin kills malaria parasites by damaging proteins and inhibiting the proteasome. *Nature Communications* 2018 9:1, 9(1), 1-9. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-06221-1>

Gleba, Y., Klímyuk, V., & Marillonnet, S. (2005). Magniflection--a new platform for expressing recombinant vaccines in plants. *Vaccine*, 23(17-18), 2042-2048. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2005.01.006>

González-González, E., Alvarez, M. M., Márquez-Ipiña, A. R., Trujillo-de Santiago, G., Rodríguez-Martínez, L. M., Annabi, N., & Khademhosseini, A. (2017). Anti-Ebola therapies based on monoclonal antibodies: current state and challenges ahead. *Critical Reviews in Biotechnology*, 37(1), 53-68. <https://doi.org/10.3109/07388551.2015.1114465>

Karki, U., Wright, T., & Xu, J. (2022). High yield secretion of human erythropoietin from tobacco cells for ex vivo differentiation of hematopoietic stem cells towards red blood cells. *Journal of Biotechnology*, 355, 10-20. <https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2022.06.010>

Wang, Y., Fan, J., Wei, Z., & Xing, S. (2023). Efficient expression of fusion human epidermal growth factor in tobacco chloroplasts. *BMC Biotechnology*, 23(1). <https://doi.org/10.1186/S12896-022-00771-5>

Agricultura: A continuación, se ilustra el impacto positivo que la tecnología de fábricas de proteínas y metabolitos basadas en plantas ha tenido en la agricultura mediante la modificación genética, las plantas se han convertido en herramientas valiosas para la agricultura, alimentación e industria, abriendo nuevas oportunidades para el desarrollo de soluciones más efectivas, sostenibles y accesibles (**Tabla 2**).

Tipo de Cultivo	Modificación Genética	Nuevas características del cultivo
Maíz (<i>Zea mays</i>)	Expresión del gen <i>Bt</i> (<i>Bacillus thuringiensis</i>)	Resistencia a insectos, como el gusano del maíz (Lohn et al., 2020).
Papaya (<i>Carica papaya</i>)	Resistencia al virus de la mancha anular (PRSV)	Prevención del daño causado por el virus PRSV (<i>Papaya ringspot virus</i>) (Fitch et al., 1992).
Tomate (<i>Solanum lycopersicum</i>), manzana (<i>Malus domestica</i>), brócoli (<i>Brassica oleracea</i>), kiwi (<i>Actinidia chinensis</i>).	Silenciamiento del gen ACO1 (enzima que regula la maduración)	Mayor tiempo de vida en estantes para retrasar los efectos sobre la calidad (Houben & Van de Poel, 2019).
Arroz (<i>Oryza sativa</i>)	Introducción del gen Xa21 (resistente a bacterias)	Resistencia a la bacteria <i>Xanthomonas oryzae</i> (Ercoli et al., 2022).
Trigo (<i>Triticum aestivum</i>)	Introducción de genes de resistencia a sequía y enfermedades	Mejora en la tolerancia a sequía y resistencia a enfermedades (Khan et al., 2019).
Algodón (<i>Gossypium hirsutum</i>)	Modificación para producir fibras más largas y fuertes	Mejora en la calidad de la fibra y la producción de algodón (Chakravarthy et al., 2014).
Papa (<i>Solanum tuberosum</i>)	Apilamiento de genes para resistencia a hongos y virus	Mayor resistencia a diversas enfermedades que afectan las papas (Upadhyaya et al., 2021).
Caña de Azúcar (<i>Saccharum of cinarum</i>)	Modificación para mayor rendimiento y resistencia a plagas	Aumento en la productividad y resistencia contra insectos (Iqbal et al., 2021).

Tabla 2. Ejemplos del impacto positivo de la tecnología de fábricas de proteínas y metabolitos basadas en plantas en la agricultura mediante la modificación genética.

4

Desafíos y perspectivas futuras:

La producción de proteínas y metabolitos en plantas modificadas genéticamente está sujeta a regulaciones y normativas estrictas en muchos países. Estas regulaciones buscan garantizar la seguridad tanto para el medio ambiente como para los consumidores (Fischer & Schillberg, 2004). Los productos obtenidos a través de estas tecnologías deben pasar por rigurosas evaluaciones de riesgo antes de ser aprobados para su uso comercial. El cumplimiento de los estándares de seguridad y las regulaciones aplicables es un desafío importante para los investigadores y las empresas involucradas en esta área.

Existe la preocupación de que los genes modificados de las plantas puedan transferirse a otras especies vegetales, lo que se conoce como contaminación genética. Esto podría tener consecuencias imprevistas, como la propagación de características no deseadas o la aparición de plantas invasoras. Para minimizar este riesgo, se deben tomar medidas de bioseguridad adecuadas, como la elección de especies no emparentadas como huéspedes para la producción (Daniell & Dhingra, 2002) y la implementación de barreras físicas para evitar la transferencia de polen o semillas (Lu et al., 2006).

Obtener altos niveles de producción de proteínas y metabolitos deseados en las plantas puede ser un desafío. La expresión del gen de interés puede variar según diferentes factores, como el tipo de planta, las condiciones de cultivo y la manipulación genética. Los científicos deben trabajar en la optimización de las técnicas de expresión y regulación génica para lograr una producción eficiente y consistente de los compuestos deseados.



Por último, la tecnología de fábricas de proteínas y metabolitos basadas en plantas también puede enfrentar desafíos relacionados con la aceptación pública y la percepción general. La modificación genética de las plantas ha generado debates y preocupaciones en algunos sectores de la sociedad. Es importante llevar a cabo una comunicación efectiva y transparente sobre los beneficios, la seguridad y la regulación asociados con esta tecnología, para fomentar una comprensión informada y una aceptación más amplia.

A pesar de estos desafíos, la tecnología de fábricas de proteínas y metabolitos en plantas sigue avanzando y ofreciendo grandes promesas en diversos campos. Abordar estos desafíos requerirá una colaboración continua entre científicos, reguladores, industria y la sociedad en general, para garantizar el desarrollo y la implementación segura y responsable de esta tecnología en beneficio de la sociedad y el medio ambiente.



5

Conclusiones

Este trabajo resalta las ventajas de utilizar plantas como biofábricas y su beneficio en comparación con otros sistemas de producción, como células bacterianas o de mamíferos. Su capacidad para producir a su bajo costo, su facilidad de manipulación genética y su menor impacto ambiental los convierten en una opción prometedora y sostenible. Así como ejemplos exitosos de aplicaciones en medicina, agricultura, alimentación y otros campos, donde las plantas como biofábricas han demostrado su potencial revolucionario para generar productos valiosos que impactan positivamente en nuestra salud, la seguridad alimentaria y la sostenibilidad.

Las plantas como fábricas de proteínas y metabolitos representan una prometedora frontera en la biotecnología. Esta tecnología tiene el potencial de transformar no solo la forma en que producimos compuestos valiosos, sino también la forma en que abordamos desafíos

globales, como la salud humana, la seguridad alimentaria y la sostenibilidad ambiental. A medida que avanzamos hacia el futuro, es importante seguir apoyando y fomentando la investigación y la colaboración en este campo, para aprovechar plenamente el poder verde de las plantas y llevar adelante los beneficios que nos ofrece.

Finalmente, el potencial revolucionario de las plantas como biofábricas es innegable. Su capacidad para producir proteínas y metabolitos de alto valor en grandes cantidades, combinada con su sostenibilidad y diversidad de aplicaciones, nos muestra un futuro emocionante y prometedoro. Esta tecnología está impulsando el avance científico y tecnológico, y nos acerca a un mundo donde las plantas no solo son fuente de alimentos y belleza, sino también biofábricas verdes de compuestos que mejoran nuestra calidad de vida y contribuyen al bienestar de la población.



- Ahmad, A., O. Pereira, E., J. Conley, A., S. Richman, A., & Menassa, R. (2010). Green Biofactories: Recombinant Protein Production in Plants. *Recent Patents on Biotechnology*, 4(3), 242–259. <https://doi.org/10.2174/187220810793611464>
- Bridgford, J. L., Xie, S. C., Cobbold, S. A., Pasaje, C. F. A., Herrmann, S., Yang, T., Gillett, D. L., Dick, L. R., Ralph, S. A., Dogovski, C., Spillman, N. J., & Tilley, L. (2018). Artemisinin kills malaria parasites by damaging proteins and inhibiting the proteasome. *Nature Communications* 2018 9:1, 9(1), 1–9. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-06221-1>
- Chakravarthy, V. S. K., Reddy, T. P., Reddy, V. D., & Rao, K. V. (2014). Current status of genetic engineering in cotton (*Gossypium hirsutum* L.): an assessment. *Critical Reviews in Biotechnology*, 34(2), 144–160. <https://doi.org/10.3109/07388551.2012.743502>
- Chen, Q., Lai, H., Hurtado, J., Stahnke, J., Leuzinger, K., & Dent, M. (2013). Agroinfiltration as an Effective and Scalable Strategy of Gene Delivery for Production of Pharmaceutical Proteins. *Advanced techniques in biology & medicine*, 7(1). <https://doi.org/10.4172/ATBM.1000103>
- Daniell, H., & Dhingra, A. (2002). Multigene engineering: dawn of an exciting new era in biotechnology. *Current Opinion in Biotechnology*, 13(2), 136–141.
- Daniell, H., Streatfield, S. J., & Wycoff, K. (2001). Medical molecular farming: production of antibodies, biopharmaceuticals and edible vaccines in plants. *Trends in Plant Science*, 6(5), 219–226.
- Demain, A. L., & Vaishnav, P. (2009). Production of recombinant proteins by microbes and higher organisms. *Biotechnology Advances*, 27(3), 297–306.
- Dirisala, V. R., Nair, R. R., Srirama, K., Reddy, P. N., Rao, K. R. S. S., Satya Sampath Kumar, N., & Parvatam, G. (2017). Recombinant pharmaceutical protein production in plants: unraveling the therapeutic potential of molecular pharming. *Acta Physiologicae Plantarum*, 39(1), 1–9. <https://doi.org/10.1007/S11738-016-2315-3/> METRICS
- Ercoli, M. F., Luu, D. D., Rim, E. Y., Shigenaga, A., de Araujo, A. T., Chern, M., Jain, R., Ruan, R., Joe, A., Stewart, V., & Ronald, P. (2022). Plant immunity: Rice XA21-mediated resistance to bacterial infection. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 119(8). <https://doi.org/10.1073/PNAS.2121568119>
- Fiehn, O., & Fiehn, O. (2001). Combining genomics, metabolome analysis, and biochemical modelling to understand metabolic networks. *Comparative and Functional Genomics*, 2(3), 155–168. <https://doi.org/10.1002/CFG.82>
- Fischer, R., & Schillberg, S. (2004). Molecular farming: Plant-made pharmaceuticals and technical proteins. *Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA*.
- Fischer, R., Vaquero-Martin, C., Sack, M., Drossard, J., Emans, N., & Commandeur, U. (1999). Towards molecular farming in the future: transient protein expression in plants. *Biotechnology and Applied Biochemistry*, 30(2), 113–116. <https://doi.org/10.1111/J.1470-8744.1999.TB00900.X>
- Fitch, M. M. M., Manshardt, R. M., Gonsalves, D., Slightom, J. L., & Sanford, J. C. (1992). Virus Resistant Papaya Plants Derived from Tissues Bombarded with the Coat Protein Gene of Papaya Ringspot Virus. *Bio/Technology* 1992 10:11, 10(11), 1466–1472. <https://doi.org/10.1038/nbt1192-1466>
- Gleba, Y., Klimyuk, V., & Marillonnet, S. (2005). Magniffection--a new platform for expressing recombinant vaccines in plants. *Vaccine*, 23(17–18), 2042–2048. <https://doi.org/10.1016/J.VACCINE.2005.01.006>
- González-González, E., Alvarez, M. M., Márquez-Ipiña, A. R., Trujillo-de Santiago, G., Rodríguez-Martínez, L. M., Annabi, N., & Khademhosseini, A. (2017). Anti-Ebola therapies based on monoclonal antibodies: current state and challenges ahead. *Critical Reviews in Biotechnology*, 37(1), 53–68. <https://doi.org/10.3109/07388551.2015.1114465>
- Hellwig, S., Drossard, J., Twyman, R. M., & Fischer, R. (2004). Plant cell cultures for the production of recombinant proteins. *Nature Biotechnology* 2004 22:11, 22(11), 1415–1422. [https://doi.org/10.1038/nbt1027Houben, M., & Van de Poel, B. \(2019\). 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid oxidase \(ACO\): The enzyme that makes the plant hormone ethylene. *Frontiers in Plant Science*, 10, 464815. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2019.00695/BIBTEX>](https://doi.org/10.1038/nbt1027Houben, M., & Van de Poel, B. (2019). 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid oxidase (ACO): The enzyme that makes the plant hormone ethylene. Frontiers in Plant Science, 10, 464815. https://doi.org/10.3389/FPLS.2019.00695/BIBTEX)
- Iqbal, A., Khan, R. S., Khan, M. A., Gul, K., Jalil, F., Shah, D. A., Rahman, H., & Ahmed, T. (2021). Genetic Engineering Approaches for Enhanced Insect Pest Resistance in Sugarcane. *Molecular Biotechnology*, 63(7), 557–568. <https://doi.org/10.1007/S12033-021-00328-5>
- Karki, U., Wright, T., & Xu, J. (2022). High yield secretion of human erythropoietin from tobacco cells for ex vivo differentiation of hematopoietic stem cells towards red blood cells. *Journal of Biotechnology*, 355, 10–20. <https://doi.org/10.1016/J.JBIOTECH.2022.06.010>
- Khan, S., Anwar, S., Yu, S., Sun, M., Yang, Z., & Gao, Z. Q. (2019). Development of Drought-Tolerant Transgenic Wheat: Achievements and Limitations. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(13). <https://doi.org/10.3390/IJMS20133350>
- Lee, S. Y., & Kim, H. U. (2015). Systems strategies for developing industrial microbial strains. *Nature biotechnology*, 33(10), 1061–1072.
- Lohn, A. F., Trtikova, M., Chapela, I., van den Berg, J., du Plessis, H., & Hilbeck, A. (2020). Transgene behavior in Zea mays L. crosses across different genetic backgrounds: Segregation patterns, cry1Ab transgene expression, insecticidal protein concentration and bioactivity against insect pests. *PLoS ONE*, 15(9). <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0238523>
- Lu, B. R., Yang, C., & Jiang, L. (2006). Pollen flow in *Trifolium repens* L. II. Pollen dispersal and heterogeneity in pollen movement. *Heredity*, 96(5), 371–376.
- Ma, J. K. C., Drake, P. M. W., & Christou, P. (2003). The production of recombinant pharmaceutical proteins in plants. *Nature Reviews Genetics* 2003 4:10, 4(10), 794–805. <https://doi.org/10.1038/nrg1177>
- Maloo, T. (2017). *Fotosíntesis (Photosynthesis)*. Teacher Created Materials, Incorporated.

- Mett, V., Farrance, C. E., Green, B. J., & Yusibov, V. (2008). Plants as biofactories. *Biologicals*, 36(6), 354–358. <https://doi.org/10.1016/j.biologics.2008.09.001>
- Potvin, G., & Zhang, Z. (2010). Strategies for high-level recombinant protein expression in transgenic microalgae: A review. *Biotechnology Advances*, 28(6), 910–918. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2010.08.006>
- Stewart, J., Richards IV, H. A., & Halfhill, M. D. (2018). Transgenic Plants and Biosafety: Science, Misconceptions and Public Perceptions. <https://doi.org/10.2144/00294bi01>, 29(4), 832–843.
- Suárez-Medina, K., & Coy-Barrera, E. (2016). Diversidad de los compuestos orgánicos bioactivos de origen natural: una singularidad manifestada por la plasticidad en el metabolismo secundario. *Revista Facultad de Ciencias Básicas*, 12(2), 252–269. <https://doi.org/10.18359/RFCB.2031>
- Twyman, R. M., Schillberg, S., & Fischer, R. (2013). Transgenic plants in the biopharmaceutical market. *Expert Opinion on Emerging Drugs*, 18(2), 181–199.
- Upadhyaya, D. C., Bagri, D. S., Upadhyaya, C. P., Kumar, A., Thiruvengadam, M., & Jain, S. K. (2021). Genetic engineering of potato (*Solanum tuberosum* L.) for enhanced α -tocopherols and abiotic stress tolerance. *Physiologia Plantarum*, 173(1), 116–128. <https://doi.org/10.1111/PPL.13252>
- Verma, D., & Daniell, H. (2007). Chloroplast vector systems for biotechnology applications. *Plant Physiology*, 145(4), 1129–1143.
- Walsh, G. (2014). Biopharmaceutical benchmarks 2014. *Nature Biotechnology*, 32(10), 992–1000
- Wang, Y., Fan, J., Wei, Z., & Xing, S. (2023). Efficient expression of fusion human epidermal growth factor in tobacco chloroplasts. *BMC Biotechnology*, 23(1). <https://doi.org/10.1186/s12896-022-00771-5>
- Wurm, F. M. (2004). Production of recombinant protein therapeutics in cultivated mammalian cells. *Nature biotechnology*, 22(11), 1393–1398.



Nanopartículas metálicas como plaguicidas en cultivos agrícolas, ventajas y retos de producción

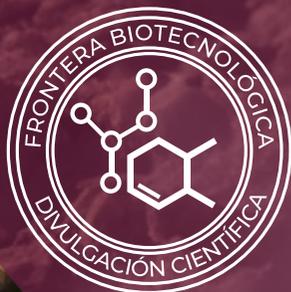
Olivia Le Pioufle, Mariana Miranda-Arámbula, Fernando López-Valdez

* Laboratorio de Biotecnología Agrícola, Vegetal & Agro-Nanobiotecnología. Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Instituto Politécnico Nacional. Tepetitla de Lardizábal, Tlaxcala. 90700. México.

Autor por correspondencia: Fernando López-Valdez.

Carr. Estatal Sta. Inés Tecuexcomac – Tepetitla, km 1.5 s/n. Tepetitla de Lardizábal, Tlaxcala. 90700. México. Tel.: +52 (55) 5729 6000 / 6300, ext.: s/n.

E-mail: flopezva@ipn.mx





RESUMEN ABSTRACT

Cada año, cantidades masivas de plaguicidas se aplican en los campos agrícolas para controlar plagas y enfermedades de los cultivos para garantizar la producción. Esto ocasiona problemas de contaminación del ambiente y riesgos para la salud humana. Para lograr una agricultura más responsable es fundamental disminuir la aplicación de plaguicidas y desarrollar productos con mayor eficacia. El desarrollo de nanopartículas con efecto plaguicida (o nano-plaguicida), es relativamente nuevo y tiene el potencial de ser una herramienta de gran importancia para la agricultura. Entre ellos, las nanopartículas formadas a partir de metales han mostrado excelentes resultados para contener el desarrollo de plagas. En esta revisión, se propone presentar el interés del uso de nanopartículas novedosas en la lucha contra plagas en cultivos agrícolas. Se discuten las técnicas de síntesis de las nanopartículas metálicas y, en particular, los retos de la biosíntesis, proponiendo asimismo ideas de desarrollos futuros.

Palabras clave: Plaguicidas, nano formulación, nanopartículas metálicas, biosíntesis.

Each year, vast quantities of pesticides are applied in agricultural fields with the aim of controlling diseases and ensuring production. This practice has the potential to cause significant environmental pollution problems and pose risks to human health. Therefore, it is essential to reduce the use of pesticides and develop products with greater efficacy in order to promote a more responsible approach to agriculture. The development of nanoparticles with a pesticidal (or nano-pesticide) effect is a relatively new phenomenon with the potential to become a highly important tool for future agriculture. Among these, nanoparticles formed from metals have demonstrated excellent results in the containment of pest development. In this review, we propose to present the interest of the use of these novel compounds in pest control in agricultural crops. The synthesis techniques of metal nanoparticles and the challenges of biosynthesis are discussed, and ideas for future developments will be proposed.

Keywords: Pesticides, nano-pesticides, metal nanoparticles, biosynthesis.

Introducción

En los cultivos se encuentran diferentes tipos de plagas que impactan negativamente en el crecimiento, desarrollo y producción de las plantas. Los plaguicidas son compuestos químicos, la mayoría sintéticos, que se utilizan para disminuir la incidencia de plagas o enfermedades de los cultivos. En el caso de las enfermedades, por lo general se refiere a los provocados por *microorganismos* (bacterias y hongos), *organismos* (nemátodos) o *agentes fitopatógenos* (virus). Pero también se pueden atribuir a organismos más grandes como plantas parásitas o arvenses, herbívoros, entre otros (Horst 2013).

A partir de la Segunda Guerra Mundial, los plaguicidas se han aplicado de manera masiva para aumentar la producción de alimentos, principalmente, para hacer frente al incremento de la demanda (Tudi et al., 2021). En 2020, más de 2.5 millones de toneladas de productos plaguicidas se aplicaron en el campo agrícola a nivel mundial, mientras que, en México, se aplicaron alrededor de 40,000 toneladas de plaguicidas en el mismo año, donde los fungicidas fueron los más usados (FAO, 2020). No obstante, se sabe que la mayoría de estos plaguicidas aplicados no llegan a los organismos dirigidos, acumulándose en los suelos donde generalmente migran hasta las aguas subterráneas, llegando a lugares muy remotos del lugar de aplicación (Hayes

y Hansen, 2017). Dado que la mayoría de estos compuestos son de carácter hidrofóbico y/o recalcitrante (no biodegradable), su acumulación en el ambiente puede representar un riesgo para el buen funcionamiento de los ecosistemas (Yang et al., 2021) y para la salud humana y animal (Dhankhar y Kumar 2023). Otro problema reportado es el desarrollo de la resistencia en plagas, es decir, los organismos objetivo (como insectos) presentan la capacidad de evolucionar, adquiriendo formas resistentes o inmunes, este fenómeno ocurre cuando se aplican plaguicidas sintéticos en forma consecutiva con mecanismos de acción altamente específicos. Para resolver estos problemas de aplicación masiva de plaguicidas y los problemas de resistencia asociados en la agricultura se necesita encontrar compuestos y/o moléculas más versátiles y naturales en la medida de lo posible para evitar perturbar demasiado los ecosistemas.

En las últimas dos décadas, se ha investigado sobre el uso y efecto de nuevas sustancias, compuestos y partículas, algunos por medio de nano ingeniería como una alternativa a lo ya mencionado. En este artículo se presentan las ventajas, desventajas y oportunidades del uso de los nano-plaguicidas en agronomía, en particular, las nanopartículas metálicas y se discutirán sus modos de producción.

2

Ventajas de las nanopartículas como plaguicidas.

Las nanopartículas son el resultado de la combinación de diversos elementos químicos, en el que juntos pueden alcanzar una dimensión entre 1 y 100 nm. En el ambiente se pueden encontrar nanopartículas naturales (Sharma et al., 2015) como en el caso de los óxidos de hierro (Guo y Barnard, 2013) o las nanopartículas de plata (Huang et al., 2019), empero en la actualidad, la mayoría son procedentes de las actividades antropogénicas. Estos últimos años, la investigación y producción de plaguicidas dadas como “nano formulaciones” han tenido un crecimiento fulgurante en la industria agrícola debido a sus propiedades fisicoquímicas particulares. De hecho, por sus tamaños, estas partículas pueden fácilmente penetrar los poros de las células y así tener un efecto de toxicidad amplificado sobre las plagas. Además, estas moléculas presentan áreas de superficie importantes comparado al volumen que ocupan, lo que las hacen más

reactivas y potencialmente más eficaces (Royal Society of Chemistry, 2014). Las *nano-formulaciones* se pueden dividir en dos tipos: *los nanomateriales* (*'carriers'*) que encapsulan y transportan compuestos o plaguicidas y las *nanoestructuras* (nanomateriales funcionalizados) que poseen su propio efecto plaguicida. En el primer caso, se han formulado plaguicidas donde los principios activos se encuentran integrados dentro de un nanomaterial. Estas formulaciones mejoran la eficacia como plaguicidas porque mejoran la estabilidad química del compuesto y permiten una difusión progresiva o controlada tras un estímulo físico, químico o fisicoquímico (riego, luz, o pH, según Chaud et al., 2021). En el segundo caso, por lo general son nanopartículas, que actúan como ingredientes activos, como es el caso de las nanopartículas metálicas, ya sea funcionalizadas o no.

3

Las nanopartículas metálicas como plaguicidas.

Las nanopartículas metálicas (NPM) son nanoestructuras compuestas de átomos metálicos que pueden ser nobles, como el oro, la plata o el platino, o no, como el hierro y el zinc. Estas NPM tienen alcances muy importantes en agricultura, ya que pueden proteger contra fitopatógenos mediante la toxicidad directa de la partícula, así también mediante la estimulación del sistema defensivo de la planta o la promoción de su crecimiento (López-Valdez et al., 2018, Singh et al., 2021).

La toxicidad de las NPM en microorganismos se puede manifestar de dos maneras: tras la interacción directa de las nanopartículas con ellos o por la liberación de iones metálicos a partir de las nanoestructuras (Hernández-Díaz et al., 2020). Las partículas y sus iones pueden desestabilizar las membranas microbianas o atravesar las barreras celulares, perturbando su metabolismo y funciones. En este caso, pueden actuar de diferentes maneras, dañando el material genético, inactivando enzimas, inhibiendo el funcionamiento de las mitocondrias o alterando la síntesis de proteínas (Ameen et al., 2021). Las modificaciones en el metabolismo de la célula pueden resultar en

un desequilibrio en los niveles de estrés oxidativo de la célula, lo que conduce a su muerte. La variedad de los modos de acción de las NPM constituye una ventaja en el combate de plagas, ya que permite mejorar la protección de las plantas contra fitopatógenos resistentes. Según Vera-Reyes et al. (2019) las NPM de óxido de zinc y de óxido de cobre aplicadas al crecimiento de *Clavibacter michiganensis* en medio de cultivo a una dosis de 700 mg L⁻¹ inhibieron hasta 90% y 66% del crecimiento de *Clavibacter michiganensis* (bacteria fitopatógena que afecta las hojas de las plantas de jitomate), respectivamente. Se conoce que nanopartículas como Ag, Cu, Ni, Mg, Se, Pd, Zn y Fe han mostrado efectos de inhibición sobre el crecimiento de hongos fitopatógenos en experimentos *in vitro* (Cruz-Luna et al., 2021).

Las NP de óxido de zinc, hierro, plata y oro han mostrado efectos de inhibición directos contra virus en condiciones *in vitro*, interfiriendo con la multiplicación de estos y disminuyendo la severidad de las enfermedades virales (Vargas-Hernández et al., 2020). Las nanopartículas también pueden disminuir el estrés oxidativo de la planta inducido por plagas.

Se ha reportado que, en semillas de trigo tratadas con soluciones de nanopartículas de cobre, cobre con zinc, hierro, plata y manganeso, posteriormente infectadas por *Pseudocercospora herpotrichoides*, se observó una menor acumulación de sustancias reactivas al ácido tiobarbitúrico (TBRS), un marcador de la oxidación de los lípidos celulares, en comparación con las plantas sin pretratamiento (Panyuta et al., 2016). Otro mecanismo que podría contribuir a la protección a las plantas contra plagas es a través de la fertilización con nanopartículas. Independientemente de los efectos plaguicidas mencionados anteriormente, cabe mencionar que NPm de cobre, el hierro o el zinc, que son micronutrientes esenciales para las plantas, pueden mejorar significativamente la nutrición de las plantas, así optimar su metabolismo y sus mecanismos de defensa (Servin et al. 2015). Los efectos y modos de acción de las NP dependen del tamaño, forma, composición, cristalinidad, aglomeración y de las propiedades químicas y fisicoquímicas de sus superficies, lo que, en última instancia, se controla a través de las técnicas de producción (Cruz-Luna et al., 2021).



4

Desventajas del uso de nano plaguicidas en agricultura.

Al igual que otros plaguicidas, los nano plaguicidas pueden pasar a través de barreras biológicas y podrían afectar a organismos no objetivo como plantas, animales y humanos, particularmente por concentraciones altas. Podrían ser absorbidas a través de los estomas o absorbidas por las raíces, con posibles efectos citotóxicos y genotóxicos en la salud y crecimiento de las plantas, acumularse en la cadena alimenticia. Por sus propiedades fisicoquímicas únicas, las nanopartículas, especialmente las de tamaños pequeños (entre 10 y 30 nm), pueden ser altamente citotóxicos y actuar como las macromoléculas biológicas, lo que se llama “biomimetismo” (Chaud et al. 2021). Sin embargo, esta toxicidad varía con el tamaño, forma, composición, cristalinidad, aglomeración y de las propiedades químicas y fisicoquímicas de sus superficies, lo que, en última instancia, se controla a través de las técnicas de producción (Cruz-Luna et al. 2021).

Ventajas



Nuevos plaguicidas

Moléculas más eficaces contra plagas por tener varios modos de acción y más citotoxicidad.



Micronutrientes

Micronutrientes que mejora el crecimiento del cultivo y su capacidad de hacer frente a plagas.



Bajo costo de producción

En el caso de utilizar metales no nobles.



Desventajas

Posible toxicidad

Una formulación y aplicación en cultivos inadecuados pueden resultar en problemas de contaminación y toxicidad tras plantas y animales.



Figura 1. Ventajas y desventajas del uso de NPM en Agricultura.

5

Producción de las nanopartículas metálicas

La producción de las nanopartículas metálicas se puede dividir en dos vías principales. La primera es por medios físicos (como la ablación), donde se parte desde metal a granel (barras, láminas, etc.) hasta obtener partículas de tamaño nanométrico, utilizando herramientas como molinos, láseres, entre otras. La segunda vía es química (también bioquímica), que involucra reacciones o procesos químicos, donde los precursores metálicos en soluciones están combinados con especies químicas bajo una variedad de parámetros fisicoquímicos (Bachav y Garde, 2023). Aunque la vía química tiende a consumir un poco más energía en comparación con la ruta física, esta tiene la ventaja de que los procesos químicos involucrados son semi reversibles y dinámicos, lo que permite un mejor control del tamaño de los nanomateriales (Stark *et al.*, 2015).

La síntesis química (bioquímica) permite también sintetizar nanopartículas “funcionalizadas”, es decir, se unen a diferentes grupos funcionales que les permite, por ejemplo, interactuar con el material biológico (estas nanopartículas adquieren “bioactividad”). Una lista breve de los métodos químicos incluye el método “Sol-Gel”, hidrotérmico, de coprecipitación, solvo-térmico, de micro emulsión, prin-

cialmente (Bachav y Garde, 2023). Los métodos mencionados pueden tener diferentes ventajas en cuanto a los costos de producción y el tipo de nanomaterial obtenido. Por ejemplo, el método hidrotérmico requiere de control de presión y de temperatura para llevar a cabo la síntesis de nanopartículas a partir el precursor metálico en un medio acuoso. Este método es particularmente eficaz para sintetizar nanopartículas de tamaño homogéneo, pero requiere una mayor inversión energética y equipos de laboratorio específicos. De manera general, el objetivo de los métodos de síntesis es obtener nanopartículas metálicas químicamente estables, de tamaño y forma homogénea. Otros prerrequisitos para la síntesis son la necesidad de reducir los costos de producción y la contaminación generada por el empleo de sustancias químicas. En este caso, la síntesis biológica, conocida como química o síntesis verdes, emplea compuestos químicos procedentes de plantas o microorganismos, lo que representa una alternativa interesante, ya que no se intenta forzar tanto la aplicación de condiciones críticas, de altas presiones o temperaturas dada la naturaleza de los principios activos o compuestos biológicos.

6

Ventajas y retos de la biosíntesis de nanopartículas metálicas

Desde que se descubrió la capacidad de ciertas moléculas reductoras derivadas de las plantas para convertir sales metálicas en nanopartículas (Haverkamp y Marshall, 2009), se ha investigado el uso de las plantas y sus derivados, especialmente sus extractos acuosos, para sintetizar o funcionalizar nanopartículas metálicas. La biosíntesis tiene diversas ventajas. Los biocompuestos no son tóxicos para la salud, al menos en pequeñas cantidades, son biodegradables y en algunos casos con relativa facilidad para sintetizarlos (dependiendo de diversos factores como la presencia y cantidad de principios activos de la planta), lo que evita el desecho o contaminación innecesaria y hace de estos bioprocesos una alternativa económicamente interesante.

En las últimas décadas, se han logrado obtener nanopartículas metálicas como las de oro, plata o zinc, empleando extractos acuosos y precursores metálicos bajo diferentes condiciones de pH y temperatura (Rani et al. 2023). Aunque los mecanismos y roles de los diferentes biocompuestos involucrados no están completamente elucidados, se ha hipotetizado que los polifenoles, terpenoides y azúcares podrían contribuir a la reducción

de los precursores metálicos. Por otro lado, las proteínas y polisacáridos tendrían un papel más importante en la estabilización de las nanopartículas formadas (Makarov et al., 2014). Las variaciones en la naturaleza y cantidad de los compuestos entre las especies vegetales permiten obtener nanopartículas de diferentes morfologías y tamaños con propiedades distintas contra plagas. La aplicación de estas nanopartículas en plantas se facilita porque se sintetizan en fase acuosa, eliminando la necesidad de eliminar subproductos y residuos químicos que podrían ser tóxicos. Al mismo tiempo, las nanopartículas resultantes de la biosíntesis pueden llevar grupos orgánicos que incrementan su capacidad de interactuar con organismos biológicos. Esto puede aumentar la toxicidad y eficacia contra fitopatógenos u otros organismos (Chaud et al., 2021). Un inconveniente de la biosíntesis de nanopartículas es la falta de control del tamaño, debido a la variación y diversidad de los compuestos en los extractos vegetales, resultando en una importante heterogeneidad de tamaños, que se puede caracterizar como un grado de "polidispersión". Para mejorar esto, es necesario comprender mejor la termodinámica (efectos de temperatura, pH,



disolventes, etc.) y los mecanismos químicos involucrados en la formación de nanopartículas en fase acuosa. Eso incluye la necesidad de identificar y caracterizar mejor el efecto de los biocompuestos y comprobar el uso de moléculas de origen vegetal químicamente puras o combinadas en proporciones conocidas. Finalmente, una solución para obtener tamaños de nanopartículas más homogéneos reside en desarrollar protocolos y métodos de separación por tamaño de las nanopartículas.

Aunque la biosíntesis se ha reportado también con metales no nobles como el zinc, el titanio y el cobre, la investigación se ha cen-

trado más en metales nobles como el oro y la plata debido a la simplicidad y relativa facilidad de su síntesis. Un factor que explica esto es la posibilidad de observar la formación de nanopartículas metálicas biosintetizadas a través de la observación o medición por espectrometría UV-Vis del fenómeno de resonancia de plasmón de superficie de estos metales nobles. Sin embargo, el uso de estos metales para la producción a gran escala de nano plaguicidas podría ser económicamente inviable, por lo que es necesario centrarse en la síntesis de metales más accesibles como zinc, hierro, titanio o cobre.

Conclusiones

La investigación en nanotecnología con aplicación en agricultura ha experimentado recientemente un incremento considerable. Los nano plaguicidas y en particular aquellos sintetizados a base de metales, presentan numerosas ventajas sobre los pesticidas convencionales, entre ellas, estos plaguicidas tienen diferentes modos de acción, lo que los hace más eficaces frente a fenómenos de resistencias en plagas. Junto con la síntesis convencional química, la biosíntesis se está posicionando como un método sencillo,

por lo general más económico y no contaminante, que además permite la producción de NPM con nuevas propiedades. Sin embargo, se requiere un esfuerzo de investigación para develar todo el potencial de estas moléculas. Es necesario estandarizar los protocolos de síntesis para obtener productos más estables y, de la misma manera que para plaguicidas convencionales, se requiere la caracterización de los efectos de estas sustancias en las plagas y su toxicidad.

8

Agradecimientos

Al CONAHcyT por el apoyo brindado con la beca de postdoctorado (OLP). Al Instituto Politécnico Nacional por el financiamiento (Proy.: 20211596, 20222069, 20232272 y 20242108) y al Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada del IPN por recibirme durante esta estancia postdoctoral. Al SNII – CONAHcyT por M. M-A & F. L-V.

- Ameen F, Alsamhary K, Alabdullatif JA, ALNadhari S (2021) A review on metal-based nanoparticles and their toxicity to beneficial soil bacteria and fungi. *Ecotoxicol Environ Saf* 213:112027. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2021.112027>
- Bachav K, Garde AS (2023) Versatile synthesis of zinc oxide nanoparticles via chemical route: A review. *Mater Today Proc.* <https://doi.org/10.1016/j.matpr.2023.08.269>
- Chaud M, Souto EB, Zielinska A, et al (2021) Nanopesticides in agriculture: Benefits and challenges in agricultural productivity, toxicological risks to human health and environment. *Toxics* 9. <https://doi.org/10.3390/toxics9060131>
- Cruz-Luna AR, Cruz-Martínez H, Vásquez-López A, Medina DI (2021) Metal nanoparticles as novel antifungal agents for sustainable agriculture: Current advances and future directions. *J. Fungi* 7
- Dhankhar N, & Kumar J (2023) Impact of increasing pesticides and fertilizers on human health: A review. *Materials Today: Proceedings.* <https://doi.org/10.1016/j.matpr.2023.03.766>
- FAO (2020), *Pesticide Indicators*, <http://www.fao.org/faostat/en/#data/EP> (accessed on 13 December 2022).
- Guo H, Barnard AS (2013) Naturally occurring iron oxide nanoparticles: morphology, surface chemistry and environmental stability. *J Mater Chem A* 1:27–42. <https://doi.org/10.1039/C2TA00523A>
- Haverkamp RG, Marshall AT (2009) The mechanism of metal nanoparticle formation in plants: Limits on accumulation. *J Nanoparticle Res* 11:1453–1463.
- Hayes TB, Hansen M (2017) From silent spring to silent night: Agrochemicals and the anthropocene. *Elementa* 5. <https://doi.org/10.1525/elementa.246>
- Hernández-Díaz JA, Garza-García JJO, Zamudio-Ojeda A, et al (2020) Plant-mediated synthesis of nanoparticles and their antimicrobial activity against phytopathogens. *J Sci Food Agric* 101:1270–1287. <https://doi.org/10.1002/jsfa.10767>
- Horst RK (2013) *Westcott's plant disease handbook*. Springer Science & Business Media.
- Huang YN, Qian TT, Dang F, et al (2019) Significant contribution of metastable particulate organic matter to natural formation of silver nanoparticles in soils. *Nat Commun* 10. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-11643-6>
- López-Valdez Fernando, Miranda-Arámbula Mariana, Ríos-Cortés Ada María, Fernández-Luqueño Fabián, and de-la-Luz Verónica (2018) Nanofertilizers and their controlled delivery of nutrients. *In: Agricultural Nanotechnology-Modern Agriculture for a Sustainable Future.* p35-48. Editors: Fernando López-Valdez, Fabián Fernández-Luqueño.
- Makarov VV, Love AJ, Sinitsyna OV, Makarova SS, Yaminsky IV, Taliansky ME, & Kalinina NO (2014) "Green" nanotechnologies: synthesis of metal nanoparticles using plants. *Acta Naturae* (англоязычная версия), 6.1 (20): 35-44.
- Panyuta O, Belava V, Fomaidi S, et al. (2016) The Effect of Pre-sowing Seed Treatment with Metal Nanoparticles on the Formation of the Defensive Reaction of Wheat Seedlings Infected with the Eyespot Causal Agent. *Nanoscale Res Lett* 11:1–5. <https://doi.org/10.1186/s11671-016-1305-0>
- Rani N, Singh P, Kumar, S, Kumar P, Bhankar V, & Kumar K (2023) Plant-mediated synthesis of nanoparticles and their applications: A review. *Materials Research Bulletin*, 112233. <https://doi.org/10.1016/j.materresbull.2023.112233>Get rights and content
- Royal Society of Chemistry (2014) Surface area to volume ratio nanoparticle. *Natl. Nanotechnol. Infrastruct. Netw.*
- Servin A, Elmer W, Mukherjee A, et al (2015) A review of the use of engineered nanomaterials to suppress plant disease and enhance crop yield. *J Nanoparticle Res* 17:1–21. <https://doi.org/10.1007/s11051-015-2907-7>
- Sharma VK, Filip J, Zboril R, Varma RS (2015) Natural inorganic nanoparticles-formation, fate, and toxicity in the environment. *Chem Soc Rev* 44:8410–8423. <https://doi.org/10.1039/c5cs00236b>
- Singh RP, Handa R, & Manchanda G (2021) Nanoparticles in sustainable agriculture: An emerging opportunity. *Journal of controlled release*, 329, 1234-1248. <https://doi.org/10.1016/j.jconrel.2020.10.051>
- Stark WJ, Stoessel PR, Wohlleben W, Hafner A (2015) Industrial applications of nanoparticles. *Chem Soc Rev* 44:5793–5805. <https://doi.org/10.1039/c4cs00362d>
- Tudi M, Ruan HD, Wang L, et al (2021) Agriculture development, pesticide application and its impact on the environment. *Int J Environ Res Public Health* 18:1–24. <https://doi.org/10.3390/ijerph18031112>
- Vargas-Hernández M, Macías-Bobadilla I, Guevara-Gonzalez RG, et al (2020) Nanoparticles as potential antivirals in agriculture. *Agric* 10:1–18. <https://doi.org/10.3390/agriculture10100444>
- Vera-Reyes I, Esparza-Arredondo IJE, Lira-Saldivar RH, et al (2019) In vitro antimicrobial effect of metallic nanoparticles on phytopathogenic strains of crop plants. *J Phytopathol* 167:461–469. <https://doi.org/10.1111/jph.12818>
- Yang T, Lupwayi N, Marc SA, et al (2021) Anthropogenic drivers of soil microbial communities and impacts on soil biological functions in agroecosystems. *Glob Ecol Conserv* 27: e01521. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2021.e01521>

OFERTA ACADÉMICA

CONVOCATORIA 2024



Maestría en
Biotecnología Aplicada



Maestría en
Biotecnología Productiva



Doctorado en
Ciencias en Biotecnología



Doctorado en
Biotecnología Productiva





Colorantes textiles una amenaza latente: La biotecnología como parte de la solución

Karina Águila-Sánchez, José Luis Torres-García, Diana Verónica Cortés-Espinosa

Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada.
Instituto Politécnico Nacional. Ex-Hacienda
San Juan Molino Carretera Estatal, Km 1.5, 90700
Santa Inés Tecuexcomac, Tlax, México.

*Autor por correspondencia:
dcortes@ipn.mx

RESUMEN ABSTRACT

Actualmente, la industria de la moda es una de las fuentes económicas más importantes para el desarrollo económico del país y del mundo. Para que esta industria pueda mantenerse activa, emplea la industria textil como principal fuente de manufactura. Lamentablemente, la industria textil genera gran impacto al ambiente, no solo por el consumo excesivo del recurso hídrico, sino, por los desechos y residuos que se liberan de estos procesos. Los colorantes textiles son un ejemplo de las moléculas liberadas por este sector a gran parte de los sistemas receptores como son alcantarillados, dirigiéndose hacia los diferentes cuerpos de agua como; ríos, lagos, manantiales acuíferos etc. Actualmente, se conocen los efectos tóxicos propiciados por la presencia de una amplia variedad de colorantes en los cuerpos de agua, afectando no sólo la supervivencia de especies acuáticas, sino también en animales terrestres y en el humano. Con base a esta preocupante situación, la biotecnología se convierte en la principal herramienta sostenible y amigable con el ambiente, mediante el uso de microorganismos de fácil crecimiento y adaptación a ambientes contaminados por este tipo de contaminantes tóxicos, gracias a la producción de enzimas específicas que degradan estas estructuras complejas permitiendo que los microorganismos las empleen como fuente de carbono y energía.

Palabras clave: Biorremediación, colorantes, efluentes textiles, microorganismos, toxicidad

Currently, the fashion industry is one of the most important economic sources for the economic development of the country and the world. In order for this industry to remain active, it uses the textile industry as the main source of manufacturing. Unfortunately, the textile industry generates a great impact on the environment, not only due to the excessive consumption of water resources, but also due to the waste and residues that are released from these processes. Textile dyes are an example of the molecules released by this sector to a large part of the receiving systems such as sewers, heading towards different bodies of water such as; rivers, lakes, aquifer springs, etc. Currently, the toxic effects caused by the presence of a wide variety of dyes in bodies of water are known, affecting not only the survival of aquatic species, but also terrestrial animals and humans. Based on this worrying situation, biotechnology becomes the main sustainable and environmentally friendly tool, through the use of microorganisms that are easy to grow and adapt to environments contaminated by this type of toxic pollutants, thanks to the production of specific enzymes that They degrade these complex structures allowing microorganisms to use them as a source of carbon and energy.

Keywords: Bioremediation, dyes, textile effluents, microorganisms, toxicity



Introducción

La continua industrialización además de ser parte importante en el desarrollo social y en la economía mundial ha generado grandes impactos en ambiente. De manera particular la industria textil se ha desarrollado a gran velocidad con la creación de nuevas tecnologías de impresión y teñido, lo que la convierte en la industria que más consume agua (Guo et al., 2020). Los efluentes generados por estas industrias contienen altas concentraciones de colorantes liberando entre el 10 y el 20% de estos colorantes durante el proceso de teñido. Cada año se producen más de 0.7 millones de toneladas de tintes sintéticos en todo el mundo, y los tintes azoicos representan aproximadamente el 80 % de la cantidad total de tintes orgánicos empleados en el sector textil (Yang et al. 2019).

Dichos colorantes se caracterizan por contener en su estructura molecular grupos funcionales azo ($R-N=N-R'$), lo que los vuelve más recalcitrantes o sea de difícil degradación. Los efectos nocivos hacia los seres vivos y el ecosistema han despertado el interés en el desarrollo de tecnologías que permitan tratar estos efluentes (Benkhaya et al. 2020). Sin embargo, el uso de tratamientos físicos y químicos son de elevado costo además de que contribuyen en gran medida en la contaminación del agua, es por ello que el uso de herramientas biotecnológicas como es la biorremediación, donde emplea microorganismos es una excelente opción para el tratamiento de este tipo de contaminación (Mustafa et al. 2021).

1.1 Industria textil

Dentro de las industrias, la textil es la que más contribuye a la contaminación del agua debido a que los procesos húmedos de des-encolado, abastecimiento, blanqueo, mercerización, teñido y acabado consumen grandes cantidades de este líquido, lo que conduce a su escasas y mala calidad. Como parte de la tinción de las prendas elaboradas, se recurre a la utilización de colorantes sintéticos (Amarillo anaranjado N°6 (E110), Rojo allura N°4 (E129), Azul brillante N°1 (E133) etc.) que, debido a su naturaleza química, son altamente estables a ácidos, álcalis y a la oxidación. Se ha estimado que alrededor del mundo se producen anualmente alrededor de 0.7 millones de toneladas de colorantes (Yang et al. 2019), de los cuales, más del 50% de la producción de estos tintes, son consumidos por la industria

1.2 Obtención de prendas y contaminación acuática

La industria textil se basa en el uso de tres tipos de fibras: 1) fibras de celulosa (algodón, rayón, lino, ramio y lyocell), 2) fibras proteicas (lana, angora, mohair, cachemira y seda) y 3) fibras sintéticas (poliéster, nylon, spandex, acetato, acrílico, ingeo y polipropileno) (El-Rahim et al. 2021). Los procesos que involucran la producción de fibra de viscosa, blanqueo, teñido, descolado, descruado y mercerizado producen cantidades significativas de aguas residuales alcalinas que alteran el pH de los cuerpos de agua receptores (Chen et al. 2020). La industria textil tiene como objetivo crear hilos y tejidos con los cuales se elabora una amplia variedad de productos, como prendas, artículos para el hogar, vestiduras automotrices, etc. De manera general, el proceso textil se divide en hilatura, tejeduría, tintura, acabados y confección del producto final, como se muestra en la **Figura 2**, sin embargo, algunos tipos de textiles como la mezclilla, llevan un

procesamiento adicional que consiste en el prelavado con la finalidad de darle un efecto de desteñido a las prendas que se elaboran con dichos textiles, estos procesos se realizan en lavanderías, el cual de forma general consiste en:

Pre-tratamiento: Remueve impurezas, descolado y reduce arrugas de las prendas.

Lavado: En muchos casos se emplea piedra pómez, ácido, con enzimas o blanqueador.

Teñido: Proceso utilizado para cambiar el color o tono del colorante inicial. Aporta a la prenda una apariencia de uso.

Suavizado: Este proceso tiene como finalidad disminuir la rigidez en las prendas, sin embargo, el uso en exceso genera que las prendas se oxiden, resultando en un color amarillo o café.

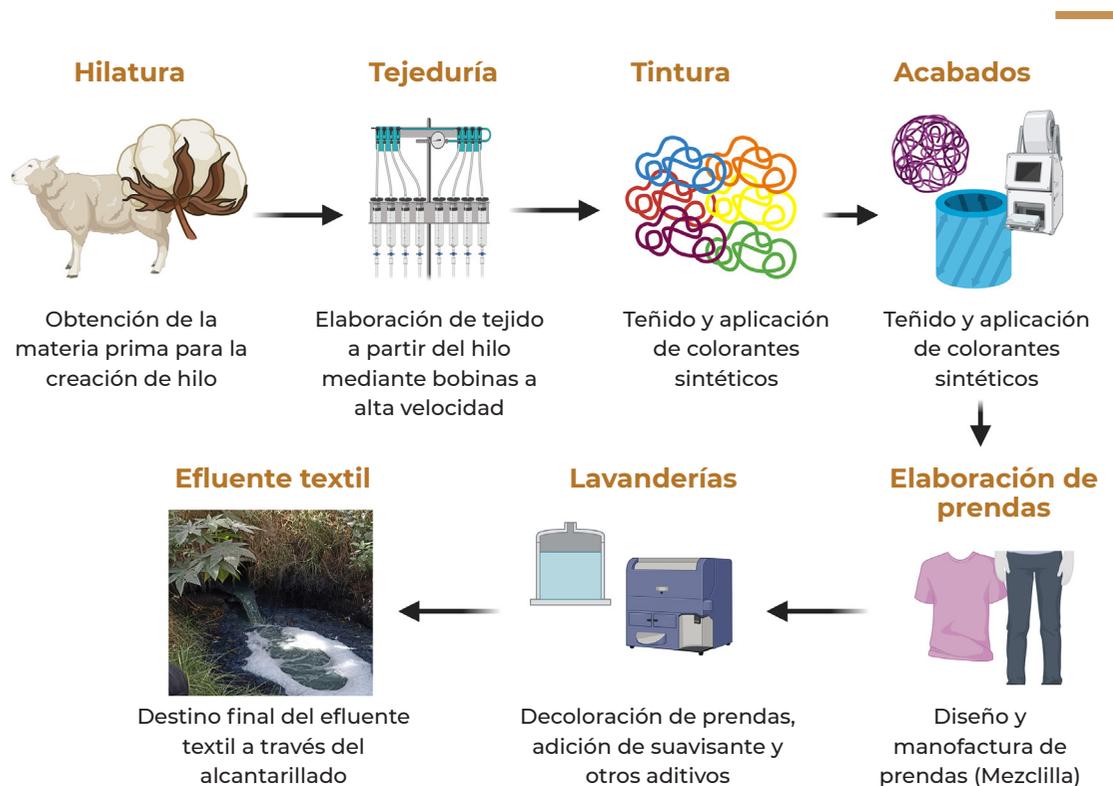


Figura 2. Procesos en la industria textil.

Para la obtención de las prendas que serán comercializadas, previamente pasan por un proceso de lavado. Las lavanderías tienen un impacto bastante notorio sobre los sistemas acuáticos, en este proceso se utilizan alrededor de 10 mil L de agua en cada etapa, siendo que este recurso en muchos lugares se encuentra escaso. Otra situación radica en el hecho de que estas empresas no son vigiladas por las autoridades pertinentes y eliminan sus efluentes textiles al sistema de alcantarillado municipal, donde se puede observar otro grave problema, muchas de

las plantas de tratamiento de aguas residuales municipales no cuentan con un sistema eficiente para dicho tratamiento, por lo que el agua residual es liberada a los principales ríos o cuerpos de agua transitorios, donde se puede observar claramente la coloración y mezcla del agua teñida con el agua del sistema acuático (**Fig. 2**) (Nikolina 2019).

1.3 Efluentes textiles

El agua residual producida por dichas industrias contiene altas concentraciones de colorantes azo debido a que su tasa de fijación es muy baja (Velusamy et al. 2022), los cuales además presentan la característica de ser no-biodegradables, de naturaleza tóxica representando una importante amenaza para el ecosistema (Markandeya et al. 2017). De acuerdo con Barathi et al. (2020) para la creación de 1 kg de producto textil se necesita alrededor de 200 litros de agua. Aproximadamente del 8 al 20% de los colorantes no son fijados en las fibras y son descargados a ríos y lagos acompañados de aditivos químicos posterior a las operaciones de teñido (Markandeya et al. 2017).

Con la caracterización de este tipo de efluentes, ha sido posible la identificación de diferentes compuestos químicos orgánicos e inorgánicos altamente tóxicos para los seres vivos. Se ha evidenciado, además de la presencia de colorantes, aminas cancerígenas que se producen como parte de la degradación del tinte en condiciones anaeróbicas (Velusamy et al. 2022). La descarga de efluentes textiles no tratados conduce a una reducción de la transferencia de la luz solar, alteración del pH y aumento de la demanda química de oxígeno (DQO) lo que conduce a la eutrofización del sitio (Thanavel et al. 2019).



1.4 Colorantes sintéticos empleados por la industria textil y sus efectos en la salud

Los colorantes textiles utilizados para teñir fibras se clasifican en colorantes ácidos, colorantes básicos, colorantes directos, colorantes fluorescentes, colorantes reactivos, colorantes azo y colorantes sulfurosos. Las amplias variaciones en la estructura química de los tintes textiles hacen que la degradación microbiana de dichos productos químicos no sea una tarea fácil (El-Rahim et al. 2021). Los colorantes tipo azo son los más empleados por la industria textil y contribuyen entre el 60% y el 70% de todos los colorantes producidos debido a su bajo costo, estabilidad química y versatilidad (Benkhaya et al. 2020). Otros colorantes como el azul disperso 284, rojo reactivo 195, negro directo 22, amarillo reactivo F3R, amarillo remazol y azul índigo son de los colorantes más empleados por la industria textil (**Fig. 3**).

Este tipo de compuestos químicos son considerados carcinogénicos y mutagénicos para las especies vegetales y animales, así como para la especie humana (Mustafa et al. 2021). Desde 1868 se han reportado diversas reacciones alérgicas a los colorantes sintéticos, como erupciones cutáneas causadas por vestir estas prendas (Markandeya et al. 2017). La ingestión de agua contaminada con tinte por parte de mamíferos da como resultado la biodegradación del enlace azo en aminas aromáticas al entrar en contacto con la bacterias anaerobias presentes en el tracto gastrointestinal (Saranraj 2013). Estas peligrosas aminas aromáticas son causantes de cáncer en vejiga, riñón e hígado (Saha y Rao 2020).

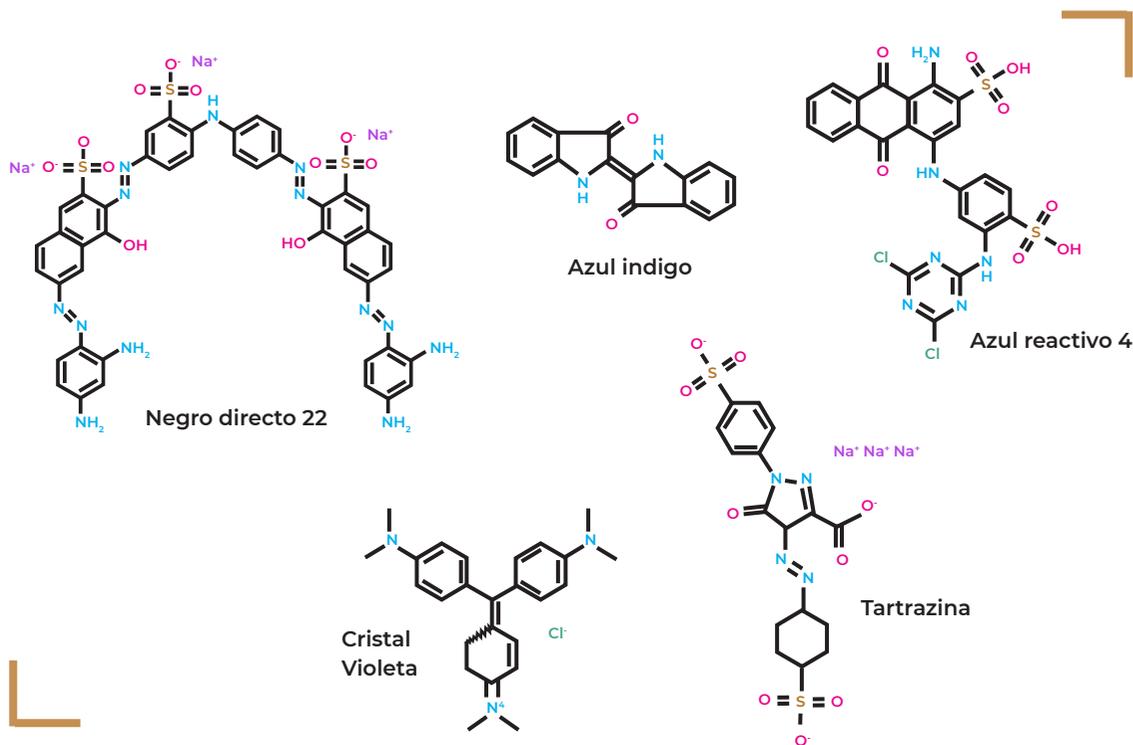


Figura 3. Estructura química de colorantes sintéticos empleados por la industria textil.

1.5 Tratamiento del agua

Actualmente se encuentran disponibles numerosas tecnologías para la biorremediación de agua residual, sin embargo, aquellos tratamientos fisicoquímicos resultan ser inviables para la eliminación del color, además de que son altamente costosos y poco eficientes debido a que generan una contaminación secundaria (**Fig. 4**) (Mustafa et al. 2021). Por otro lado, los tratamientos biológicos resultan ser amigables con el ambiente, económicos, eficaces y sustentables para la decoloración de aguas residuales textiles, mediante la conversión de compuestos orgánicos en productos

no tóxicos, es decir, agua y CO_2 (dióxido de carbono) (Karim et al. 2018). El proceso de biorremediación de aguas residuales textiles se puede realizar empleando varios métodos, incluyendo la decoloración bacteriana, la decoloración fúngica, fitorremediación y método enzimático, sin embargo, las bacterias son más ampliamente utilizadas debido a su naturaleza ubicua, rápida adaptación a las condiciones ambientales extremas donde se desarrollan y menor producción de lodos como parte del proceso de saneamiento (Velusamy et al. 2022).



Figura 4. Principales efectos tóxicos y tratamientos de efluentes textiles.

1.6 Biotecnología ambiental para la degradación de colorantes en efluentes textiles

La aplicación de microorganismos (bacterias, levaduras, hongos) en los sistemas de tratamiento de agua residual es ampliamente utilizado debido a su capacidad para producir enzimas extracelulares que les permiten convertir estos compuestos complejos en más simples. Sin embargo, se ha demostrado que con el uso de consorcios microbianos es posible obtener una completa mineralización de los contaminantes a causa de una integración catabólica. Se ha demostrado que géneros bacterianos como *Klebsiella*, *Pseudomonas*, *Desulfovibrio*, *Bacillus*, *Sphingomonas*, *Streptococcus*, *Escherichia*, *Aeromonas*, *Proteus*, *Schewanella*, *Alcaligenes* y *Citrobacter* decoloran eficazmente las aguas residuales textiles (Fig. 5) (Mustafa et al. 2021), debido a que utilizan los colorantes presentes en los

efluentes como fuente de carbono y nitrógeno, generando productos finales no tóxicos. La decoloración bacteriana está basada en la presencia de enzimas, azorreductasas, lacasas y oxigenasas, las cuales tienen potencial de degradación a través de la ruptura reductora de los enlaces azo por degradación anaeróbica y, finalmente, la transformación biológica de aminas aromáticas en condiciones aeróbicas (Kumar et al. 2016). Las enzimas oxidorreductasas bacterianas son importantes para la degradación de los tintes textiles. La importancia de aislar bacterias presentes en los efluentes textiles radica en la adaptación de estas a este tipo de sistemas ambientales contaminados, gracias a la producción de las enzimas necesarias para la descomposición de los colorantes (Mustafa et al. 2021).

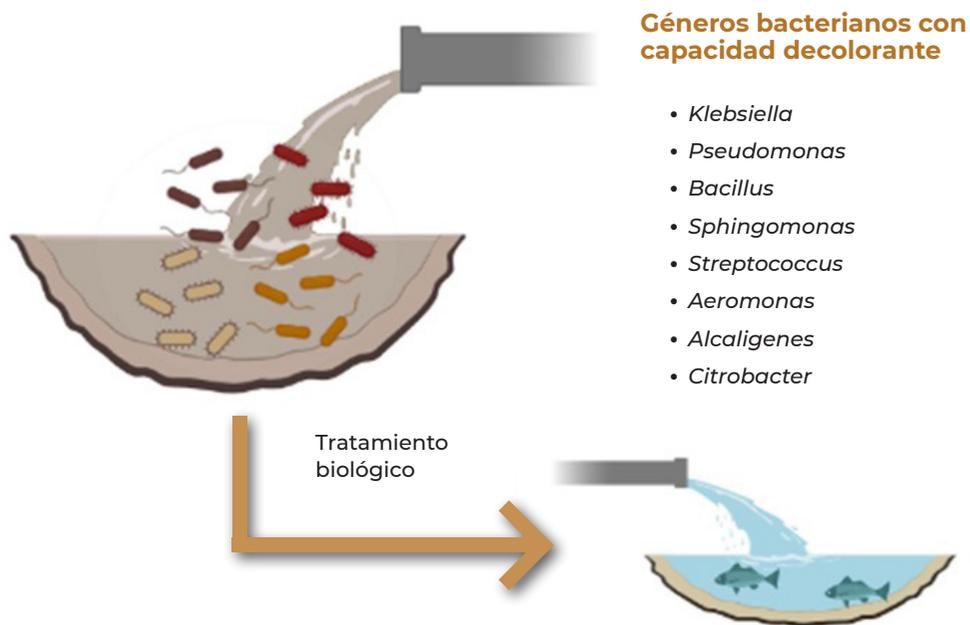


Figura 5. Géneros bacterianos con capacidad para decolorar agua residual textil.

2

Conclusiones

El uso de colorantes textiles ha sido una práctica fundamental en la industria de la moda y la producción de textiles durante siglos, proporcionando una amplia gama de colores y diseños que satisfacen las demandas estéticas del mercado. Sin embargo, esta práctica también plantea serias preocupaciones sobre la salud humana y el ambiente. Es imperativo que la industria textil adopte prácticas más seguras y sostenibles en el uso de colorantes naturales no tóxicos para los ecosistemas y el mismo humano. Sin embargo, esto se pronostica como un desarrollo lento, por lo que es de suma importancia implementar estrategias de biorremediación mediante el uso de microorganismos aplicados en efluentes industriales textiles capaces de degradar este tipo de contaminantes y lograr mitigar el impacto de esta industria al día de hoy.

3

Agradecimientos

Al Instituto Politécnico Nacional por el apoyo brindado a través del proyecto de Desarrollo Tecnológico e Innovación 20232836, y al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por la beca otorgada No. 1147157 a la alumna KAS.

REFERENCIAS

- Barathi S, Karthik C, SN. Padikasan IA (2020) Biodegradation of textile dye reactive blue 160 by *Bacillus firmus* (Bacillaceae: Bacillales) and non-target toxicity screening of their degraded products. *Toxicol Rep* 7: 16–22.
- Benkhaya S, M'rabet S, el Harfi A (2020) Classifications, properties, recent synthesis and applications of azo dyes. In *Heliyon* 6 (1). Elsevier Ltd.
- Chen F, Zhu J, Yang Y, Wang L (2020) Assessing environmental impact of textile production with water alkalization footprint. *Sci. Total Environ* 719.
- El-Rahim WMA., Moawad H, Azeiz AZA, Sadowsky MJ (2021) Biodegradation of azo dyes by bacterial or fungal consortium and identification of the biodegradation products. *Egypt J Aquat Res* 47(3): 269–276.
- Guo G, Hao J, Tian F, Liu C, Ding K, Xu J, Zhou W, Guan Z (2020) Decolorization and detoxification of azo dye by halo-alkaliphilic bacterial consortium: Systematic investigations of performance, pathway and metagenome. *Ecotoxicol Environ Saf* 204.
- Karim ME, Dhar K, Hossain MT (2018) Decolorization of textile reactive dyes by bacterial monoculture and consortium screened from textile dyeing effluent. *J. Genet. Eng. Biotechnol* 16 (2): 375–380.
- Kumar SS, Shantkriti S, Muruganandham T, Muruges E, Rane N, Govindwar SP (2016) Bioinformatics aided microbial approach for bioremediation of wastewater containing textile dyes. *Ecol. Inform* 31: 112–121.
- Markandeya SP, Mohan D (2017) Toxicity of disperse dyes and its removal from wastewater using various adsorbents: A Review. *Res J Environ Toxicol* 11(2): 72–89.
- Mustafa G, Tariq Zahid M, Ali S, Zaghum Abbas S, Rafatullah M (2021) Biodegradation and discoloration of disperse blue-284 textile dye by *Klebsiella pneumoniae* GM-04 bacterial isolate. *J King Saud Univ Sci* 33(4).
- Nikolina S (2019). *Environmental impact of textile and clothes industry*. Members' Research Service.
- Saha P, Rao KVB (2020). Biotransformation of Reactive Orange 16 by alkaliphilic bacterium *Bacillus flexus* VITSP6 and toxicity assessment of biotransformed metabolites. *Int J Environ Sci* 17(1): 99–114.
- Saranraj P (2013) Bacterial biodegradation and decolourization of toxic textile azo dyes. *Afr J Microbiol Res* 7(30): 3885–3890.
- Thanavel M, Kadam SK, Biradar SP, Govindwar SP, Jeon BH, Sadasivam SK (2019) Combined biological and advanced oxidation process for decolorization of textile dyes. *SN Applied Sciences*, 1(1).
- Velusamy K, Periyasamy S, Kumar PS, CFC Jayaraj T, Gokulakrishnan M, Keerthana P (2022) Transformation of aqueous methyl orange to green metabolites using bacterial strains isolated from textile industry effluent. *Environ Techno Inno* 25.
- Yang HY, Liu J, Wang YX, He CS, Zhang LS, Mu Y, Li, W. H. (2019). Bioelectrochemical decolorization of a reactive diazo dye: Kinetics, optimization with a response surface methodology, and proposed degradation pathway. *Bioelectrochemistry*, 128: 9–16.



XXVII

Jornadas Académicas
Doctorado en Ciencias
en Biotecnología

mayo 2024



Memorias

Índice

CONTROL BIOLÓGICO DE <i>Helicoverpa zea</i> (Boddie) CON EL PARASITOIDE <i>Telenomus remus</i> (Nixon) Y SU IMPACTO SOBRE <i>Chrysoperla carnea</i> (Stephens)	57
EFFECTOS EN LOS PARÁMETROS FÍSICOS, QUÍMICOS Y MICROBIOLÓGICOS DE ALIMENTOS CONSERVADOS CON NISINA	58
VARIABILIDAD GENÉTICA-EPIGENÉTICA Y MORFOLÓGICA DE AGAVES MEZCALEROS DEL ESTADO DE DURANGO	59
OBTENCIÓN DE BIOPRODUCTOS A PARTIR DE RESIDUOS SÓLIDOS DE CAFÉ (<i>Coffea spp.</i>) Y SU EVALUACIÓN COMO FERTILIZANTE Y FUNGICIDA	60
ELUCIDACION DE LOS MECANISMOS DE ACCION DE <i>Bacillus amyloliquefaciens</i> (CEPA COD2) COMO ANTAGONISTA A <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> (LIB.) DE BARY	61
IMPLICACIONES EN LA COMPOSICIÓN DE LAS SEMILLAS DE AMARANTO POR ESTRÉS.	62
COMPOSICIÓN FITOQUÍMICA DE PLANTAS NATIVAS DE CHERÁN, MICHOACÁN, CULTIVADAS CON BACTERIAS PROMOTORAS DE CRECIMIENTO VEGETAL EN INVERNADERO	63
EVALUACIÓN MORFOAGRONÓMICA, FITOQUÍMICA, GENÉTICA Y PROPAGACIÓN IN VITRO DE PLANTAS DE LA MESETA PURÉPECHA PARA SU CULTIVO Y APROVECHAMIENTO MEDICINAL	64
DIVERSIDAD GENÉTICA Y RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE <i>Pseudomonas aeruginosa</i> EN AMBIENTE AGRÍCOLA DE TAMAULIPAS	65
CARACTERIZACIÓN DE MICROORGANISMOS AISLADOS DE LA RIZOSFERA DE POBLACIONES NATIVAS DE <i>Agave durangensis</i> Y SU EVALUACIÓN COMO PROMOTORES EN EL DESARROLLO DE PLANTAS DE ESTA ESPECIE	66
IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS FUNCIONAL DE GENES CODIFICANTES PARA FACTORES TRANSCRIPCIONALES MIEMBROS DE LA FAMILIA AP2 INVOLUCRADOS EN LA RESPUESTA A ÁCIDO ABCSÍCO DEL MUSGO <i>Pseudocrossidium replicatum</i>	67
VARIABILIDAD GENÉTICA DE PLANTAS DE <i>Agave durangensis</i> OBTENIDAS POR CULTIVO DE TEJIDOS VEGETALES IN VITRO Y POR SEMILLA	68
EVALUACIÓN DE LA FERTILIZACIÓN MIXTA EN LOS COMPONENTES DEL RENDIMIENTO DE PASTO OVILLO (<i>Dactylis glomerata</i> L.)	69
EVALUACIÓN MOLECULAR Y BIOQUÍMICA DEL EFECTO DEL BIOPRIMING DE SEMILLAS DE MAÍZ (<i>Zea mays</i> L.) CON CEPAS DEL HONGO BIOCONTROLADOR <i>Trichoderma</i> SPP.	70
PRODUCCIÓN DE MICROENCAPSULADOS BIORRACIONALES PARA EL CONTROL DE <i>Blattella germanica</i> (L.) (DICTYOPTERA: BLATTELLIDAE)	71
EVALUACIÓN DE UN ESTIMULANTE NATURAL COMO MEJORADOR DE LA RESPUESTA AL ESTRÉS SALINO DE <i>Agave durangensis</i>	72
DIVERSIDAD DEL MICROBIOMA EN PLANTAS SILVESTRES COMESTIBLES	73

ANÁLISIS FUNCIONAL DE GENES DE PARED CELULAR REGULADOS POR MICORRIZACIÓN ARBUSCULAR EN HOJAS DE TOMATE	74
IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE FACTORES TRANSCRIPCIONALES INTEGRANTES DEL SISTEMA DE SEÑALIZACIÓN	75
DE LA RESPUESTA MEDIADA POR ABA Y/O ESTRÉS ABIÓTICO EN EL MUSGO <i>Pseudocrossidium replicatum</i>	76
CARACTERIZACIÓN GENÓMICA Y TRASCRIPTÓMICA DE GENES MADS INVOLUCRADOS EN LA FLORACIÓN DE <i>Jatropha curcas</i> .	77
ELUCIDACIÓN DE LA MODULACIÓN GÉNICA DE PPRS EN PLANTAS DE INTERÉS AGRÍCOLA POR UN MICRORNA ESPECÍFICO DE AMARANTO	78
ANÁLISIS DE LA COMPOSICIÓN QUÍMICA DEL VENENO DE HORMIGA (HYMENOPTERA: FORMICIDAE) EN EL ESTADO DE DURANGO, MÉXICO	79
In vitro, in silico, AND ex situ ANALYSIS OF BACTERIA WITH POTENTIAL CAPACITY TO DEGRADE POLYCYCLIC AROMATIC HYDROCARBONS	80
USO DE OLOTE DE MAÍZ PARA LA CO-PRODUCCIÓN DE BIOETANOL DE SEGUNDA GENERACIÓN (2G) Y XILITOL A PARTIR DE LEVADURAS Y ENZIMAS AUTÓCTONAS.	81
DESARROLLO DE ESTRATEGIAS PARA LA PRODUCCIÓN DE POLI-HIDROXI- α -BUTIRATO (PHB) A PARTIR DE <i>Bacillus thuringiensis</i>	82
VALORIZACIÓN DE RESIDUOS DE LA INDUSTRIA LÁCTEA PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOENERGÍA, ÁCIDOS ORGÁNICOS Y ENZIMAS BASADOS EN EL CONCEPTO DE BIORREFINERÍA	83
EVALUACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE COMPUESTOS DE INTERÉS CON CULTIVO DE MICROALGAS A PARTIR DE MEDIOS NO CONVENCIONALES	84
EVALUACIÓN DE LA BIOSORCIÓN DE CONTAMINANTES EMERGENTES EN AGUA: FÁRMACOS	85
EVALUACIÓN DE LA REMOCIÓN DE MACRO Y MICROCONTAMINANTES EN UN SISTEMA HÍBRIDO DE TRATAMIENTO DE AGUAS RESIDUALES COMPUESTO DE UN TRATAMIENTO BIOLÓGICO MÁS TRATAMIENTO SUELO ACUÍFERO	86
CARACTERIZACIÓN DE ARN PEQUEÑOS NO CODIFICANTES DURANTE LA FASE DE ATAQUE Y CRECIMIENTO EN <i>Bdellovibrio bacteriovorus</i>	87
SUPRESIÓN DE GENES ESPECÍFICOS DE <i>Bacillus thuringiensis</i> APLICANDO HERRAMIENTAS ÓMICAS PARA EVALUAR LA PRODUCCIÓN DE PRODUCTOS DE INTERÉS COMERCIAL	88
EFFECTO DE BACTERIAS NITRIFICANTES Y DESNITRIFICANTES EN LA DISMINUCIÓN DE LOS DESECHOS NITROGENADOS EN SISTEMAS DE CULTIVO, MICROBIOTA INTESTINAL, CRECIMIENTO, SUPERVIVENCIA Y RESPUESTA INMUNE DEL CAMARÓN BLANCO (<i>Penaeus vannamei</i>) RETADO CON <i>Vibrio parahaemolyticus</i> IPNGS16	89
ANÁLISIS DE GENOMAS DE NUEVOS BALO'S AISLADOS DE MÉXICO Y SU EFECTO PROTECTOR ANTE INFECCIONES POR <i>Flavobacterium</i> EN TILAPIA	90
ESTUDIO DE LA PRODUCCIÓN DE XILANASAS NATIVAS Y RECOMBINANTES Y SU APLICACIÓN EN LA INDUSTRIA ACUÍCOLA, ALIMENTARIA Y BIOENERGÉTICOS	91

EFFECTO DE PROBIOTICOS MICROENCAPSULADOS EN EL CRECIMIENTO, MICROBIOTA INTESTINAL, COMPOSICIÓN BIOQUÍMICA Y SISTEMA INMUNE DE LA JAIBA CAFÉ <i>Callinectes bellicosus</i> RETADO CON <i>Vibrio harveyi</i>	92
PROPORCIÓN SEXUAL OPERACIONAL Y PATERNIDAD MÚLTIPLE DE CRÍAS DE LA POBLACIÓN DE TORTUGA NEGRA (<i>Chelonia mydas agassizii</i>) EN MICHOACÁN	93
EFFECTO PROTECTOR DE <i>Pediococcus pentosaceus</i> Y <i>Bdellovibrio</i> sp. 22V EN CAMARÓN BLANCO (<i>Penaeus vannamei</i>) RETADO CON <i>Vibrio parahaemolyticus</i> IPNGS16	94
EFFECTO DE BACILLUS LICHENIFORMIS PPL2016 MICROENCAPSULADO EN EL CRECIMIENTO, SUPERVIVENCIA, MICROBIOTA INTESTINAL Y RESPUESTA INMUNE EN LA JAIBA AZUL CALLINECTES ARCUATUS (ORDWAY, 1863) RETADO CON VIBRIO HARVEYI REM2016	95
EFFECTO DEL ESTRÉS TÉRMICO SOBRE LA FISIOLÓGÍA DEL RECONOCIMIENTO DE LA GESTACIÓN EN RUMIANTES	96
DETERMINACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE TNF α E IL-10 EN UN MODELO MURINO ISQUÉMICO POR MEDIO DE BIOSENSORES BASADOS EN FIBRA ÓPTICA	97
ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO DEL EFFECTO ANTIADIPOGÉNICO DE ISOARBORINOL EN ADIPOCITOS HUMANOS Y EFFECTO SOBRE EL METABOLISMO DE LA GLUCOSA	98
EVALUACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE SERT, OCT3, TPH1 Y MAOA EN PLACENTA DE RATAS TRATADAS CON FLUOXETINA	99
DESARROLLO DE UNA TERAPIA ANTIOXIDANTE DE MANTENIMIENTO MEDIANTE UNA FORMULACIÓN POLIFENÓLICA PARA EL TRATAMIENTO DEL EVC ISQUÉMICO: EVALUACIÓN CLÍNICA Y MOLECULAR DE SUS MECANISMOS DE ACCIÓN	100
APLICACIÓN Y VALIDACIÓN DE DOS BIOSENSORES ÓPTICOS PARA LA DETECCIÓN DE <i>Escherichia coli</i> UROPATOGENICA AISLADA DE PACIENTES PEDIÁTRICOS	101
APROVECHAMIENTO INTEGRAL DE PULPA DE CAFÉ: DESARROLLO DE UN BIOCOMPOSITO PREBIÓTICO CON EFFECTO ANTIHIPERTENSIVO	102
IDENTIFICACIÓN DE LA FUNCIONALIDAD DE VARIACIONES NUCLEOTÍDICAS EN EL GEN ADORA2A Y SU ASOCIACIÓN CON PREECLAMPSIA	103
EVALUACIÓN DEL EFFECTO TERAPÉUTICO DE UNA FORMULACIÓN ANTIOXIDANTE EN UN MODELO MURINO DE PARKINSON C57BL6	104
IDENTIFICACIÓN DE VARIANTES NUCLEOTÍDICAS EN LOS GENES ABC1 Y CEP72 Y SU POSIBLE ASOCIACIÓN CON LA FARMACOCINÉTICA/FARMACODINAMIA POBLACIONAL DE VINCRISTINA, Y SU NEUROTOXICIDAD EN NIÑOS CON LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA	105
EVALUACIÓN DEL EFFECTO DE EXTRACTOS DE LAS ALGAS <i>Laurencia johnstoni</i> Y <i>Sargassum lapazeanum</i> SOBRE ADIPOCITOS Y SU IMPACTO EN CÉLULAS DE CÁNCER DE MAMA	106
APLICACIÓN DE MICROENCAPSULADOS PARA ANÁLISIS DE METABOLITOS SECUNDARIOS OBTENIDOS DE UNA PLANTA MEDICINAL CON ACTIVIDAD ANTIANSIOLÍTICA NATIVA DE MÉXICO	107
EVALUACIÓN DE LA BIODISPONIBILIDAD, BIODISTRIBUCIÓN Y EXPRESIÓN DE TRANSPORTADORES SLC EN RATAS ADMINISTRADAS CON ÁCIDO ELÁGICO	108
BÚSQUEDA DE LIGANDOS DIRIGIDOS A LAS PROTEÍNAS HUMANAS BAK, MCL-1 E IL-6R CON POTENCIAL ANTITUMORAL	109

DESARROLLO DE BIOSENSOR PARA LA MEDICIÓN DE NIVELES DE CORTISOL EN SALIVA EN TIEMPO REAL	110
ASOCIACIÓN DE LAS VARIACIONES NUCLEOTÍDICAS DE TRPM6 Y SLC41A2 CON EL ESTADO OXIDATIVO EN PACIENTES CON DIABETES TIPO II	111
DESARROLLO Y APLICACIÓN DE UN BIOSENSOR ÓPTICO PARA LA DETECCIÓN Y ANÁLISIS DE <i>Acinetobacter baumannii</i> PRESENTE EN ÁREAS CLÍNICA Y HOSPITALARIAS	112
BIO SíNTESIS DE NANOPARTICULAS DE ORO (AUNP ´S) Y NANOENCAPSULACIÓN DE EXTRACTOS DE CAFÉ (<i>COFFEA ARABICA L.</i>) PARA LA INHIBICION DE <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	113
EFEECTO DE QUERCETINA EN LA MODULACIÓN DEL CYP450 Y ESTRÉS DEL RETÍCULO ENDOPLÁSMICO EN HÍGADO GRASO GRASO NO ALCOHÓLICO DE RATAS OBESAS	114
EVALUACIÓN DEL SESQUITERPENOS MS3 ASOCIADO A NANOPARTÍCULAS DE SÍLICE MESOPOROSAS EN CÁNCER DE MAMA	115
VIGILANCIA POST-VERIFICACIÓN DE LA ELIMINACIÓN DE LA ONCOCERCOSIS EN MÉXICO	116
ANÁLISIS DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN NIÑOS CON OBESIDAD DE COMUNIDAD INDÍGENA VS URBANA Y SU PREDISPOSICIÓN AL DESARROLLO DE ENFERMEDADES	117



CONTROL BIOLÓGICO DE *Helicoverpa zea* (Boddie) CON EL PARASITOIDE *Telenomus remus* (Nixon) Y SU IMPACTO SOBRE *Chrysoperla carnea* (Stephens)

Aldo Alberto Sandoval Ríos, María Berenice González Maldonado*
mbgonzalez@ipn.mx
CIIDIR Durango

Palabras clave: control biológico, insectos benéficos, parasitoides, mortalidad

Introducción. La pérdida de cultivos a consecuencia de las plagas agrícolas es considerado un problema que debe ser atendido. La implementación de organismos benéficos para el control de plagas es una alternativa para los agricultores que buscan disminuir el uso de químicos en los cultivos y reducir el daño al medio ambiente. Generalmente se combina el uso de diversos insectos benéficos con el uso de parasitoides para optimizar el control biológico y así disminuir la población de plagas, sin embargo, cuando *C. carnea* y *T. remus* conviven en el mismo entorno los resultados tienden a ser inusuales. Se cree que los huevos de *C. carnea* son parasitados por el parasitoide *T. remus* de la misma forma que lo hacen con los huevos de los insectos plaga, lo que es un hecho contraproducente, ya que disminuye la presencia de uno de los insectos benéficos más importantes para el control del gusano elotero y cogollero, aumentando el porcentaje de sobrevivencia del insecto no deseado. Por esto, es importante conocer con exactitud si *T. remus* tiene el hábito de atacar plagas, así como a otros insectos benéficos, en este caso *C. carnea*. Se busca esclarecer si el uso de *T. remus* contra *H. zea* es una opción viable como parasitoide de este insecto y así ser utilizado como agente de control biológico sin disminuir a los insectos benéficos.

Planteamiento del problema. El gusano elotero ocasiona daños considerables a cultivos de maíz de hasta un 40% en el rendimiento del grano¹, cuando no se utilizan medidas de control químico o biológico. Por lo que, es importante producir de forma masiva y liberar parasitoides que permitan controlar de forma biológica a esta plaga, para ello es necesario corroborar que estos parasitoides no parasiten a la par huevos de organismos benéficos como lo es *C. carnea*, esto se logra conociendo los porcentajes de parasitismo de *T. remus* en ambos insectos.

Justificación.

Con la implementación de parasitoides como agentes de control biológico se disminuirá el uso de insecticidas químicos, reduciendo de forma amigable plagas de lepidópteros en el cultivo de maíz en Durango, México, sin afectación a organismos benéficos.

Objetivo general. Evaluar el porcentaje de parasitismo de *Telenomus remus* en poblaciones de *H. zea* y cuantificar el impacto en huevos de *C. carnea*.

Objetivos particulares. 1) Determinar el porcentaje de parasitismo de *Telenomus remus* en huevos de *Helicoverpa zea* colectados en estigmas de maíz en el área agrícola del Estado de Durango. 2) Determinar taxonómicamente microhimenópteros parasitoides de *Helicoverpa zea* de la familia *Selionidae* y *Trichogrammatidae* con ayuda de claves taxonómicas e identificación genética para especímenes con caracteres crípticos. 3) Determinar los parámetros biológicos y de población de *T. remus* (longevidad, proporción macho:hembra, tasa neta de reproducción, tasa intrínseca de aumento, tasa de aumento finita, el tiempo medio de generación y el tiempo de duplicación entre otros, de *T. remus* que permitan conocer

su capacidad de parasitación. 4) Evaluar el impacto de *T. remus* en organismos benéficos.

Estrategia metodológica. Se recolectarán huevos (individuales) de estigmas del maíz, una vez que se ha formado el grano de *H. zea* de zonas agrícolas del estado de Durango y serán trasladados en bolsas de plástico tipo ZIPLOC® a las instalaciones del laboratorio de entomología del CIIDIR unidad Durango. Los huevos se mantendrán bajo condiciones controladas y se esperará la emergencia de los parasitoides del género *T. remus*. Se obtendrá el porcentaje de parasitismo de *T. remus* sobre *H. zea*, así como la determinación de sus parámetros biológicos y poblacionales con ayuda de un microscopio y/o esteriomicroscopio. Se seguirá la metodología reportada por Ramírez² para la preparación de los insectos en laminillas y poder realizar la identificación taxonómica, las claves taxonómicas que se seguirán serán las reportadas por Nixon³. Para la identificación molecular se seguirá la metodología reportada por España-Luna (2008)⁴.

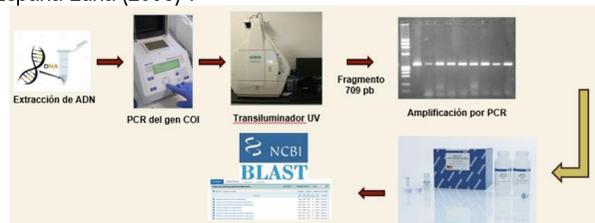


Figura 1. Metodología a seguir para pruebas de PCR y purificación de fragmentos de ADN.

Se evaluarán los porcentajes de parasitismo de huevos de *C. carnea* parasitados por *T. remus*, dichos huevos serán obtenidos de un Centro Nacional de Reproducción de Organismos Benéficos

Resultados esperados. Se espera determinar el porcentaje de parasitismo de *T. remus* (en caso de que esto suceda, aun es hipotético), sobre *H. zea*, también, identificar de manera taxonómica y genética los parasitoides (género y especie) que atacan a huevos de *H. zea*, después, se obtendrá el porcentaje de parasitismo entre *T. remus* y *C. carnea* y conocer si también daña a la fauna benéfica en laboratorio.

Referencias.

- 1.- Olmstead, D. L., Nault, B. A., (2016). Biology, ecology and evolving management of *Helicoverpa zea* (Lepidoptera: Noctuidae) in sweet corn in the United States. *Journal of Economic Entomology*. 4 (109), 1667–1676.
- 2.- Ramírez, M. de L., (2021). Identificación taxonómica de las especies de *Telenominae* (Platygastridae: Scelionidae) en México. <http://eprints.uanl.mx/21301/1/1080314905.pdf>
- 3.- Nixon, G.E. (1937). Some Asiatic *Telenominae* (Hym., Proctotrupeoidea). *Annals and Magazine of Natural history*. (20), 444-475.
- 4.- España, M. P., González, A., Alvarado, O. G., Lozano, J. (2008). Identificación molecular de especies crípticas de *Trichogramma westwood* (Hymenoptera: Trichogrammatidae) de importancia agrícola en México. *Acta zoológica mexicana*, 24(1), 01-14.



EFFECTOS EN LOS PARÁMETROS FÍSICOS, QUÍMICOS Y MICROBIOLÓGICOS DE ALIMENTOS CONSERVADOS CON NISINA

Ana Elena Cedillo-Olivos, Dra. Cristian Jiménez-Martínez*

crisjm_99@yahoo.com

ENCB.

Palabras clave: antimicrobianos naturales, bacteriocinas, bioconservación, vida útil.

Introducción. El interés de los consumidores por alimentos nutritivos y saludables ha aumentado la demanda de productos alimenticios innovadores y funcionales en todo el mundo (1). Por lo que la investigación de las bacteriocinas como la nisina, ha tenido mayor impacto en los últimos años, ya que representan una alternativa a los conservadores químicos como nitritos; sin embargo, deben considerarse las características fisicoquímicas y sensoriales de los productos finales (2). Este trabajo tiene la finalidad de evaluar el efecto de la adición de diferentes concentraciones de nisina sobre las principales características fisicoquímicas, microbiológicas y sensoriales de tres productos diferentes (salsa, pan de caja y cerveza artesanal), almacenados a diferentes temperaturas.

Metodología. En la Figura 1 se presenta el desarrollo experimental para evaluar los efectos fisicoquímicos y microbiológicos de la adición de nisina en salsa roja, pan y cerveza.

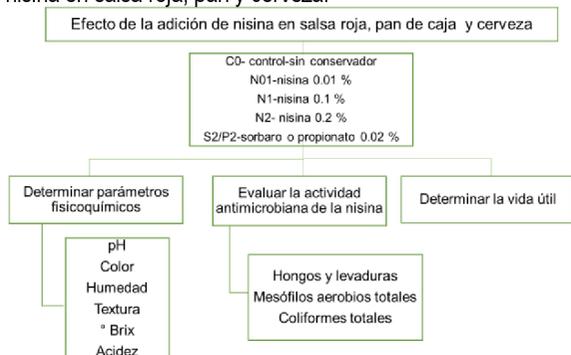


Figura 1. Desarrollo experimental para evaluar el efecto de la adición de nisina

Resultados y discusión. La nisina es una bacteriocina que puede añadirse a varios alimentos debido a su amplia estabilidad frente a pH ácido, además de ser termoestable e hidrosoluble (3). Dentro de los resultados analizados en la salsa, las muestras N1 y N2 no mostraron cambios significativos en sus propiedades fisicoquímicas. Sin embargo, tras 150 días de conservación, hay una diferencia notable en la actividad antimicrobiana de las salsas con nisina en comparación con la salsa con sorbato y la salsa control sin aditivos, logrando alargar su vida útil por 150 días para las muestras N1 y N2. En los resultados obtenidos del pan de caja se encontró que los conservadores no afectan los parámetros fisicoquímicos durante su almacenamiento, manteniéndolos dentro de los límites establecidos por la NOM-F-159. La evaluación sensorial mostró que el pan N1 presentó similar aceptabilidad en color, aroma y sabor que el control (sin conservador), mientras que la muestra P2 (conservador químico)

es la que menor aceptabilidad general tuvo por los panelistas. Se pudo observar mayor actividad antimicrobiana a 4 °C aumentando su vida de anaquel a 13 días para la N2 y de 11 días para N01 y N1. Una vez obtenida la cerveza y previo a su envasado, los lotes adicionados con nisina (0.01, 0.1 y 0.2) y sorbato (0.2%); fueron divididos en dos, y uno fue pasteurizado (72 °C por 10 min), posteriormente se almacenaron a 4 y 20 °C. En la prueba hedónica de la cerveza pasteurizada se obtuvo mayor aceptabilidad general en la muestra N01 y N1 (5.70 y 5.54). Y para las muestras no pasteurizadas se observó mejor aceptabilidad en la muestra C0, N01, N1 y S2 (5.70, 5.76, 5.64 y 5.75 respectivamente) En los parámetros fisicoquímicos de la cerveza pasteurizada, se encontró que el pH no muestra diferencia significativa del día 0 al 180. En la acidez hay diferencia significativa en S2 (4 °C) y C0, N1, N2 y S2 (20 °C) a los 180 días de almacenamiento. Los °Brix, únicamente presentan diferencia significativa N2 (20 °C) a los 180 días de almacenamiento. Para los valores de la cerveza no pasteurizada, los resultados de acidez muestran diferencia significativa a los 180 días de almacenamiento para C0, N1 y S2 (4 °C) y S2 (20 °C). El pH presentó diferencia significativa en N2 (20 °C). En los °Brix existe diferencia significativa en N1 (4 °C) y N1 (20 °C) a los 120 y 60 días respectivamente. A pesar de los resultados, los valores están dentro de los límites establecidos en la NOM-199-SCFI.2017.

Conclusiones y perspectivas. En comparación con los conservadores químicos utilizadas para este tipo de alimentos, la nisina mantiene las propiedades fisicoquímicas del alimento y no cambia las percepciones sensoriales en concentraciones menores a 0.2 %. Aunque la adición de la nisina disminuye la proliferación de microorganismos, la combinación refrigeración/nisina permite prolongar la vida útil de los alimentos horneados, pero en salsas se prefiere un almacenamiento a temperatura ambiente.

Agradecimientos. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca (CVU): 858842. Al IPN por el apoyo PRODTIA23.

Referencias.

- Sagar, N. A., & Pareek, S. 2021. Fortification of multigrain flour with onion skin powder as a natural preservative: Effect on quality and shelf life of the bread. *Food Biosci.*, 41(100992).
- Ahmad, V., Khan, M.S., Jamal, Q.M.S., Alzohairy, M.A., Al Karaawi, M.A. & Siddiqui, M.U. 2017. Antimicrobial potential of bacteriocins in therapy, agriculture, and food preservation. *Int. J. Antimicrob. Agents*, 49. 1–11.
- Anumudu, C., Hart, A., Miri, T. & Onyeaka, H. 2021. Recent advances in the application of the antimicrobial peptide nisin in the inactivation of spore-forming bacteria in foods. *Molecules*, 26, 5552.



VARIABILIDAD GENÉTICA-EPIGENÉTICA Y MORFOLÓGICA DE AGAVES MEZCALEROS DEL ESTADO DE DURANGO

Ana Isabel Chaidez Ayala, Norma Almaraz Abarca*

Correo electrónico: noralab@yahoo.com

CIIDIR Durango

Palabras clave: *Agave*, *mezcal*, NGS.

Introducción. México es considerado el centro de diversidad biológica y cultural del género *Agave*, ya que cerca del 75% de las especies son endémicas. Estas plantas han sido usadas desde la antigüedad para diferentes propósitos, sin embargo, en la actualidad, destaca su utilización en la elaboración del mezcal (1).

El mezcal se produce en algunos estados de México amparados bajo la denominación de origen, dentro de ellos se encuentra Durango. Los agaves más comúnmente utilizados en la industria del mezcal de Durango son el *Agave durangensis*, *A. wocomahi*, *A. shrevei* ssp. *magna*, *A. maximiliana*, *A. castilla* y *A. angustifolia* (2). El mezcal es obtenido a partir de la destilación de los fermentos de “*piñas*” cocidas de agaves maduros, provenientes generalmente de poblaciones silvestres. En los últimos años, la demanda del mezcal ha experimentado un aumento considerable, lo que ha llevado a una mayor presión de los recursos naturales. La sobreexplotación de estos recursos, sumado a la falta de aplicación de programas de conservación, plantea una amenaza seria a la diversidad de las poblaciones de agaves (1). Este fenómeno provoca la disminución de la diversidad genética, lo cual afecta los procesos de adaptación a cambios ambientales, lo que incrementa el riesgo de extinción de las especies. En estos casos la investigación de la diversidad genética y epigenética es fundamental, ya que contribuye a la delimitación taxonómica de especies y genera conocimiento útil para el desarrollo de estrategias de conservación y utilización (3). El objetivo del presente estudio es determinar la variabilidad genética, epigenética, y morfológica de las especies de *Agave* que sustentan la industria del mezcal en el estado de Durango, México.

Planteamiento del problema. La creciente demanda de mezcal está causando un impacto ambiental significativo, principalmente debido a la reducción de las poblaciones silvestres de agave. La sobreexplotación de los agaves utilizados para la producción de mezcal repercute en la alteración de la dinámica de los ecosistemas y la pérdida de diversidad genética. Uno de los desafíos que dificulta la implementación de programas de conservación adecuados es la dificultad del establecimiento de los límites específicos, debido a caracteres morfológicos altamente variables, generados en parte por procesos de hibridación.

Justificación.

Para aprovechar a los agaves de manera sostenida es necesario conocer y distinguir sus especies. Durango cuenta con 24 especies de *Agave*, 15 de las cuales se han reportado para la producción de mezcal en diferentes escalas. La presión que se ejerce sobre las poblaciones silvestres puede tener un impacto en su diversidad genética lo cual podría estar asociado en efectos directos sobre su estructura y variabilidad. Se han realizados estudios sobre variabilidad genética de especies como *Agave durangensis*, pero no se han incluido otras especies de agaves mezcaleros de la entidad. El uso de herramientas de secuenciación de nueva generación (NGS) servirá para la obtención de una gran cantidad de datos que a su vez

permitirá identificar procesos de diversificación, especiación y efectos bióticos y abióticos sobre las poblaciones naturales de agaves mezcaleros en el Estado de Durango.

Objetivo general. Determinar la variabilidad genética, epigenética, y morfológica de las especies de *Agave* que sustentan la industria del mezcal en el estado de Durango, México.

Objetivos particulares. Caracterizar morfológicamente seis especies de agaves mezcaleros del estado de Durango (*Agave durangensis*, *A. wocomahi*, *A. shrevei* ssp. *magna*, *A. maximiliana*, *A. castilla* y *A. angustifolia*). Evaluar variabilidad epigenética de las mismas especies mediante el método de MSAP. Evaluar la variabilidad genética de las mismas especies con herramientas de secuenciación de nueva generación (NGS).

Estrategia metodológica. La colecta de material vegetal será en 5 sitios (Nombre de Dios, Tuitán, Mezquital, Temoaya, Tepehuanes). Se colectará tejido foliar de 5 individuos maduros (en floración), se hará la herborización de 2 especímenes para su depósito en el Herbario CIIDIR. Se harán registros morfológicos. La extracción y purificación de ADN se realizará con el método CTAB. Las muestras de ADN puro se secuenciarán (Secuenciador Illumina NextSeq). Para la preparación de la librería se utilizarán dos enzimas de restricción (PstI y MspI), los amplicones obtenidos serán secuenciados, se realizará la depuración de datos para ejecutar el análisis de la diversidad genética con programas como GenAlEx, AMOVA, STRUCTURE y R (4). Los niveles de metilación en el ADN se determinarán por el método de MSAP, la variabilidad epigenética se estimará a partir de los patrones de metilación con los programas mencionados.

Resultados esperados. Determinación del potencial discriminativo específico de los caracteres morfológicos, genéticos, epigenéticos, y de combinaciones de ellos para diferenciar las especies de *Agave* analizadas.

Referencias.

- Arellano-Plaza, M., Paez-Lerma, J. B., Soto-Cruz, N. O., Kirchmayr, M. R., Gschaedler Mathis, A. 2022. Mezcal production in Mexico: Between tradition and commercial exploitation. *Front. Sustain. Food Syst.*, 6, 832532.
- Gschaedler, A. C., Mora, A. G., Ramos, S. M. C., Vazquez, G. D., Valdez, J. G. 2017. Panorama del aprovechamiento de los Agaves en México. Red Temática Mexicana Aprovechamiento Integral Sustentable y Biotecnología de los Agaves; CIATEJ: Guadalajara, México.
- Lara-Ávila, J. P., Alpuche-Solis, Á. G. 2016. Análisis de la diversidad genética de agaves mezcaleros del centro de México. *Rev. Fitotec. Mex.*, 39, 323-330.
- Peterson, G. W., Dong, Y., Horbach, C., & Fu, Y. B. 2014. Genotyping-by-sequencing for plant genetic diversity analysis: a lab guide for SNP genotyping. *Diversity*, 6(4), 665-680.



OBTENCIÓN DE BIOPRODUCTOS A PARTIR DE RESIDUOS SÓLIDOS DE CAFÉ (*Coffea spp.*) Y SU EVALUACIÓN COMO FERTILIZANTE Y FUNGICIDA

Angelica Lopez Gomez, Martha Rosales Castro*, Maria Elena Perez Lopez.

mrciidirdgo@yahoo.com

CIIDIR Durango

Palabras clave: *Bioproductos, Fertilizante, Fungicida.*

Introducción. El café (*Coffea spp*) es uno de los productos agrícolas más comercializados a nivel mundial, con una producción anual de 11 millones de toneladas (1). La producción de café instantáneo y la preparación de la bebida en hogares y establecimientos generan una gran cantidad de residuos sólidos (RSC), ya que el agua caliente solo solubiliza el 20% del café. El 80% restante son RSC (2). Este residuo tiene un alto contenido de materia orgánica, minerales y diversos nutrientes, que lo hacen un material atractivo para ser utilizado en la producción de fertilizantes, mejorar las propiedades fisicoquímicas del suelo y sustituir el uso de los agroquímicos (3).

Metodología. Se describe en el siguiente diagrama de flujo:

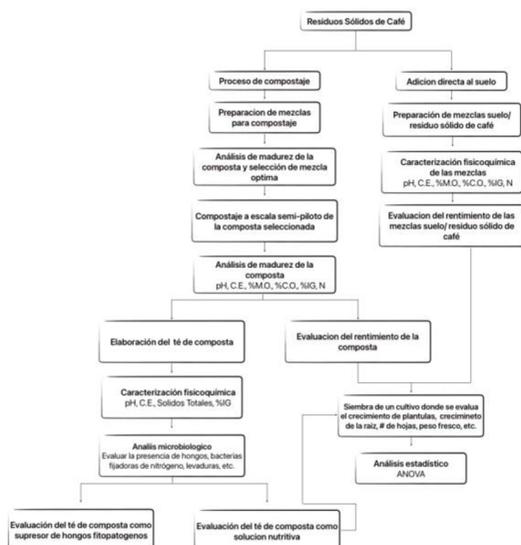


Figura 1. Diagrama de flujo experimental

Resultados y discusión. El RSC tienen un pH de 5.8, una conductividad eléctrica (CE) de 1.76 dS/m, un contenido de materia orgánica (MO) del 96%, nitrógeno total (NT) del 4.6%. Por sus propiedades puede adicionarse de forma directa a suelos agrícolas hasta en un 10% v/v, ya que favorece las características fisicoquímicas de los mismos, mejora la porosidad, disminuye la densidad y aumenta la fertilidad, lo cual permitirá un mejor desarrollo y crecimiento de las plantas.

Cuando el RSC se composte con estiércol bovino (EB), en proporciones de 75/25 (v/v base seca), se obtiene una composta madura con un pH de 8.1, CE de 3.27 dS/m, MO 69.6%, NT 2.73% y un Índice de Germinación (IG) del 85%, parámetros que cumplen con lo establecido en la norma NMX-AA-180-SCFI-2018 (4). Esta norma menciona que el IG es indicativo de la fitotoxicidad y menciona como mínimo 80% para compostas maduras.

En la evaluación de los cambios que genera la adición de composta en un suelo, agregar 6% y 12.5% v/v no generó cambios significativos en los parámetros fisicoquímicos. Los cambios se observan a partir de la adición del 25% v/v, con aumento en el contenido de sales solubles, disminución en la densidad, indicativo de que el suelo es poco poroso, con buena aireación y con una rápida infiltración de agua. Al igual que en los parámetros fisicoquímicos, solo la adición del 25% de composta aumentó el rendimiento en el cultivo de tres variedades de chile (*Capsicum annum*). Con este tratamiento se duplicó el peso de los frutos, respecto a los tratamientos testigos, en las tres variedades. En chile habanero la cantidad y el peso de frutos se duplica desde la adición del 6% de composta.

Al evaluar la composta como enriquecedor de sustrato (peat moss) para la producción de plántulas en invernadero, la adición del 25% v/v de composta aumentó de forma significativa ($p \leq 0.05$) la germinación de semillas de tomate, lechuga, rábano y chile. El crecimiento de las plántulas duplicó en altura a los testigos.

El extracto de composta (Tè) mostró propiedades antifúngicas, ya que al adicionarlo sobre *Rhizoctonia solani* se tuvo inhibición en el crecimiento del hongo, respecto al testigo. El extracto tiene un IG de 80%, lo que indica que no puede causar toxicidad en caso de que se adicione sobre algún cultivo.

Conclusiones y perspectivas.

La adición directa de RSC a suelo agrícola en 10% v/v incrementa las propiedades físicas y químicas del suelo, sin indicativos de toxicidad de acuerdo con el IG.

La producción de composta a partir del RSC es posible y se puede obtener un material rico en nutrientes que cumple con los parámetros para ser utilizado en la agricultura ecológica, paisaje, áreas verdes, urbanas y reforestación.

La adición de composta en un 25% v/v mejora las propiedades fisicoquímicas del suelo y aumentar la producción de los cultivos. Está pendiente evaluar la calidad de los frutos.

El uso del té de composta para inhibir el crecimiento de hongos fitopatógenos puede ser posible, pero es necesario determinar cuál es la fuente causante de esta inhibición.

Referencias.

- International Coffee Organization. 2021. <https://www.ico.org/prices/new-consumption-table.pdf>
- López-Gómez, A. 2019. Tesis de maestría. IPN CIIDIR Unidad-Durango
- Sánchez-Hernández, J; Domínguez, J; 2017. En. Charis Galanakis. Handbook of Coffee Processing By-Products: Sustainable Applications. 1era Ed. Academic Press. 369-398.



ELUCIDACION DE LOS MECANISMOS DE ACCION DE *Bacillus amyloliquefaciens* (CEPA COD2) COMO ANTAGONISTA A *Sclerotinia sclerotiorum* (LIB.) DE BARY.

Francisco Urbina Hernández, Abraham Cruz Mendivil, Melina López Meyer*.

mlopez@ipn.mx.

CIIDIR Sinaloa

Palabras clave: *Bacillus amyloliquefaciens*, *Sclerotinia sclerotiorum*, Genómica, Transcriptómica, Antibiosis, Resistencia Sistémica.

Introducción. Distintas cepas de *Bacillus amyloliquefaciens* (*B. a*) han sido consideradas agentes de control biológico (ACB) debido a que son capaces de inhibir el crecimiento de múltiples patógenos fúngicos que afectan el desarrollo normal de distintas plantas. *B. amyloliquefaciens* puede ocupar diferentes nichos gracias a la plasticidad de su genoma. *B. amyloliquefaciens* tiene en su genoma genes que participan en el proceso de antibiosis con la producción de enzimas líticas, sideróforos, lipopéptidos y volátiles que actúan frente la infección de un fitopatógeno de distintas maneras, un ejemplo es contra el hongo causante de moho blanco en el frijol (*Phaseolus vulgaris*) *Sclerotinia sclerotiorum* (*S. s*) el cual es un hongo necrótrofo de distribución mundial y con un amplio número de plantas hospederas. Cuando *S. sclerotiorum* interacciona con *B. amyloliquefaciens*, el crecimiento del hongo se inhibe. Además, se sabe que este bacilo es capaz de generar Resistencia Sistémica Inducida (RSI) en algunas plantas, por lo que, por un lado, es capaz de inhibir directamente el crecimiento de patógenos fúngicos, y por el otro de estimular la RSI como mecanismo de acción indirecta en distintas plantas (1,2).

sclerotiorum mediante los análisis genómicos, transcriptómicos, de metabolitos y como inductor de RSI.

Objetivos particulares. 1) Análisis genómico, 2) Análisis transcriptómico en interacción con *S. sclerotiorum*, 3) Aislamiento e identificación de compuesto antifúngicos y 4) Evaluación de su papel como inductor de RSI.

Estrategia metodológica. Secuenciación y anotación (GO/KEGG) funcional del genoma (PACBIO), análisis transcriptómico por RNA-seq (ilumina), filogenómica de *B.a* (PGCGAP v1.0.21.), ensayos de antibiosis *B.a* vs *S.s* *in vitro*, purificación e identificación de metabolitos y volátiles por HPLC y GC-MS y la detección de los genes LOX2 y MYC2 como indicadores de RSI.

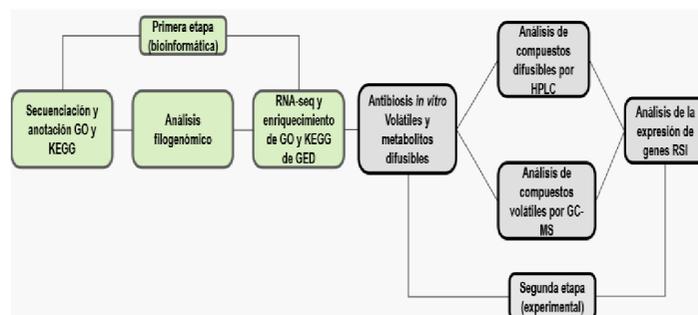


Figura 1. Estrategia general de trabajo

Cuadro 1. Algunos mecanismos de control biológico estudiados en cepas de *B. amyloliquefaciens* contra hongos fitopatógenos.

Cepa	Mecanismo descrito	Planta hospedera y hongo fitopatógeno
<i>B. amyloliquefaciens</i> ¹ PGPBacCA1	Producción de lipopéptidos	<i>Phaseolus vulgaris</i> L. <i>S. sclerotiorum</i>
<i>B. amyloliquefaciens</i> ² SV65	Lipopéptidos y chitinasa	<i>Solanum nigrum</i> <i>Fusarium oxysporum</i>

Referencias: ⁿ

Planteamiento del problema. *B. amyloliquefaciens* (COD2) es una cepa aislada de esclerocios colectados en suelos agrícolas de Sinaloa y se ha demostrado que tiene capacidad antagonista a *S. sclerotiorum*. El genoma de decenas de cepas de *B. amyloliquefaciens* obtenidas en diferentes regiones del mundo ya han sido secuenciadas. El no contar con la información del genoma de la cepa COD2, impide conocer todos los posibles mecanismos de antagonismo que esta cepa nativa presenta.

Justificación. Conocer los mecanismos de antagonismo ayudará a ampliar la aplicabilidad de este ACB y su uso en general. Esto permitirá mitigar el uso excesivo de plaguicidas que contaminan el medio ambiente. El escrutinio a nivel genómico, transcriptómico, de antagonismo, y de análisis de metabolitos y RSI nos permitirá tener una descripción integral de cómo acontece el proceso de antagonismo en la interacción planteada en este proyecto.

Objetivo general. Elucidar los mecanismos de acción de *B. amyloliquefaciens* (COD2) como antagonista a *Sclerotinia*

Resultados esperados. Gráficas de las principales funciones en términos GO y KEGG de los genes presentes en el genoma de *B. a*. expresión diferencial de genes relacionados a la antibiosis *B.a* vs *S.s* y enriquecimiento GO y KEGG. Árbol filogenómico intra e interespecífico que indique la relación evolutiva de la cepa frente a otras ya reportadas. Identificación de metabolitos difusibles y volátiles que estén relacionados con el proceso de antibiosis en los análisis de HPLC y GC-MS. Análisis de expresión de genes de RSI en frijoles inoculados.

Referencias

- Torres, M. J., Pérez Brandan, C., Sabaté, D. C., Petroselli, G., Erra-Balsells, R., & Audisio, M. C. (2017). Biological activity of the lipopeptide-producing *Bacillus amyloliquefaciens* PGPBacCA1 on common bean *Phaseolus vulgaris* L. pathogens. *Biol. Control*, 105, 93-99.
- Abdallah, R., Stedel, C., Garagounis, C., Nefzi, A., Jabnoun-Khiareddine, H., Papadopoulou, K. K., & Daami-Remadi, M. (2017). Involvement of lipopeptide antibiotics and chitinase genes and induction of host defense in suppression of *Fusarium* wilt by endophytic *Bacillus spp.* in tomato. *Crop Prot.*, 99, 45-58.



IMPLICACIONES EN LA COMPOSICIÓN DE LAS SEMILLAS DE AMARANTO POR ESTRÉS

Isai Jese Flores Lima, Silvia Luna Suárez y Rigoberto Castro Rivera*.

rcastor@ipn.mx

CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: *Amaranto, Estrés, Sequía, Fenología*

Introducción. El amaranto es un pseudocereal de interés por el contenido nutricional y nutracéutico en las semillas, y es capaz de tolerar condiciones ambientales desfavorables debido a la plasticidad de su fenotipo, haciendo que su cultivo puede tener potencial ante panoramas adversos como la sequía, siendo este último de acuerdo a la ONU el segundo desastre natural a nivel mundial. Actualmente existen muy pocos trabajos que aborden si una condición de estrés ejercerá cambios en la semilla de amaranto. Resulta imprescindible analizar el efecto del estrés por sequía en el rendimiento, la composición nutricional y nutracéutica en las semillas de dos especies amaranto, siendo el objetivo del presente trabajo.

Metodología. El diseño fue en bloques completamente al azar, con arreglo factorial 2*3, siendo dos especies de amaranto (*Amaranthus cruentus* var. "Magali" y *A. hypochondriacus* var. "Gabriela") y tres niveles de sequía. Se trasplantaron en un invernadero bajo condiciones semi controladas, donde, se monitorizó la fenología de acuerdo al código BBCH a partir de iniciar la condición de estrés a los 60 y 68 días post germinación (DPG), posteriormente se cosecharon las semillas y se analizó el rendimiento mediante ANOVA factorial en el paquete estadístico SAS 9 y la prueba de LSD Fisher.

Resultados y discusión. La condición de estrés por sequía en las dos especies de amaranto modificó los estadios del desarrollo vegetal, al final de la cosecha no hubo diferencia ($P > 0.05$) en el rendimiento por planta bajo una condición normal y moderada, mientras que una condición severa tuvo significancia ($P < 0.05$) al reducir el rendimiento de semilla (1), la interacción condición por especie determinó a "Gabriela" como más tolerante ($P < 0.05$) a una condición severa (cuadro 1).

Cuadro 1. Rendimiento de semilla por planta.

Factor		g semilla / planta
Condición	Normal	9.9 A
	Moderada	9.2 A
	Severa	4.9 B
Especie	<i>A. cruentus</i> var. Magali	8.1 A
	<i>A. hypochondriacus</i> var. Gabriela	7.9 A
Significancia	Condición	*
	Especie	NS
	Cond. X Esp.	*

Se observaron diferentes estadios indeterminados en las plantas de amaranto, en aquellas plantas que fueron sometidas a estrés.

Reportando por primera vez la etapa fisiológica 2 aparición de brotes del código BBCH (2), a los 62 DPG para la variedad "Gabriela" y 69 DPG para la variedad "Magali", la aparición de brotes axilares, con mayor desarrollo foliar fue para la variedad "Gabriela" (figura 1-D), pudiendo tener relación en la tolerancia de la planta y favorecer panículas axilares que conllevaron a mayor producción de semilla para esta variedad, bajo la condición de estrés severo.

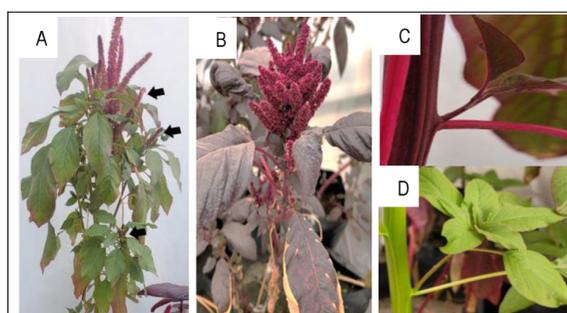


Figura 1. Especies de amaranto después de un periodo de sequía severo. Donde A, *A. hypochondriacus* var. "Gabriela" se indican con flechas los brotes y panojas axilares; B, *A. cruentus* var. "Magali"; C, brote axilar var. "Magali" y D, brote axilar var. "Gabriela".

Conclusiones y perspectivas. Los estadios fenológicos registrados en condiciones de estrés fueron diferentes a aquellas que no fueron sometidas a esta condición.

Una condición de sequía moderada obtuvo los mismos rendimientos bajo condiciones normales permitiendo al amaranto ser una opción viable.

La variedad "Gabriela" registró mayor rendimiento en condiciones de estrés severo que la variedad "Magali"; sin embargo, la producción total de semilla no presentó efecto por especie.

Agradecimientos. Agradezco al CONAHCYT por la beca de posgrado otorgada.

Referencias.

- (1) Cataldo P, Mohamed S, Antonella L. 2021. Yield and quality of *Amaranthus hypochondriacus* grain amaranth under drought and salinity at various phenological stages in southern Italy. *J. Sci. Food Agric.* Volume (102): 5022-5033
- (2) Martínez-Núñez M, Ruiz-Rivas M, Vera-Hernández P.F, Bernal-Muñoz R, Luna-Suárez S, Rosas-Cárdenas F.F. 2019 The phenological growth stages of different amaranth species grown in restricted spaces based in BBCH code. *J. S. Afr. Bot.* Volume (124): 436-443



COMPOSICIÓN FITOQUÍMICA DE PLANTAS NATIVAS DE CHERÁN, MICHOACÁN, CULTIVADAS CON BACTERIAS PROMOTORAS DE CRECIMIENTO VEGETAL EN INVERNADERO

Jeanette Guadalupe Cárdenas-Valdovinos, Silvia Luna-Suárez*, Hortencia Gabriela Mena-Violante

sluna@ipn.mx; hmena@ipn.mx

CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: BPCV, *Agastache mexicana*, metabolitos secundarios, ácido rosmarínico, actividad antioxidante.

Introducción. *Hedeoma piperita* (HP) es una planta lamiácea, conocida popularmente como quinsabe, y utilizada en la medicina tradicional mexicana para tratar dolores de estómago, cólicos, presión arterial baja, entre otras dolencias. Las poblaciones de HP se han visto reducidas por factores como el cambio de uso de suelo, urbanización, deforestación y pastoreo de ganado en los bosques^[1]. Las BPCV son aquellas que promueven el crecimiento de las plantas, la absorción de nutrientes del suelo, aumentan los componentes fitoquímicos, protegen contra los patógenos y ayudan a la adaptación al estrés ambiental^[2]. En trabajos previos, se realizó el aislamiento y caracterización de bacterias rizosféricas de HP. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto promotor de los aislados HPS18 y HPS28 sobre el crecimiento de la planta modelo *Agastache mexicana* (Lamiaceae) bajo condiciones de invernadero.

Metodología. En condiciones de invernadero, se colocaron plántulas de *A. mexicana* en macetas con los siguientes tratamientos: inoculación con los aislados HPS18 y HPS28, cepa BSS (control positivo) y control negativo (sin tratamiento) (n=10). Las plantas se colocaron bajo un diseño en bloques completamente al azar, y se mantuvieron con riego por goteo con reinoculación cada 15 días por 4 meses hasta el periodo de floración. Se evaluaron variables de crecimiento: altura, ancho de tallo, área foliar, número de ramas, inflorescencias y número de flores por inflorescencia. Al terminar el experimento, se evaluó el peso fresco y seco. Además, se obtuvieron extractos etanólicos e infusiones de tallo, hoja e inflorescencia de cada tratamiento, y se evaluó su contenido de fenoles (CFT), flavonoides totales (CFLVT) y ácido rosmarínico (AR)^[3], así como el contenido total de antocianinas (CAT) para inflorescencias, por método espectrofotométrico; y finalmente, la capacidad antioxidante de todos los extractos por inhibición del radical ABTS.

Resultados y discusión. HPS18 y HPS28 promovieron la altura, peso fresco y longitud de raíz, al igual que la cepa BSS; los resultados fueron significativamente diferentes para ambos aislados comparado con el control (Cuadro 1).

Cuadro 1. Evaluación de parámetros de crecimiento de *A. mexicana* inoculado con aislados de HP.

Tratamiento	Altura (cm)	Peso fresco (g)	Longitud de raíces (cm)
Control	114 ± 6.26 b	71.5 ± 11.44 b	28.5 ± 2.89 b
BSS	155.17 ± 12.02 a	85 ± 10.32 a	35.67 ± 7.19 ab
HPS18	139.83 ± 9.02 a	86.5 ± 6.09 a	38.75 ± 4.33 a
HPS28	149.17 ± 12.64 a	85.83 ± 13.73 a	41.01 ± 6.69 a

Las plantas inoculadas con HPS28 fueron 1.3 veces más altas respecto al control, mientras que las raíces fueron 1.44 veces más elongadas, igualando a la cepa BSS en este aspecto. Los efectos mostrados respecto a lo observado en el control pueden deberse a que los aislados producen fitohormonas como el AIA y solubilizan minerales como el P, con lo que se promueve directamente la elongación de las raíces y el crecimiento de partes aéreas, así como la toma de nutrientes.

En cuanto a la acumulación de compuestos fitoquímicos, se observó que el CFT, CFLVT y AR fue mayor en plantas tratadas con HPS28, seguida por HPS18, BSS y control en extractos etanólicos y menor en infusiones. El AR extraído mediante infusión fue mayor para todos los tejidos analizados de los tratamientos evaluados, acumulándose en mayor medida en los tallos y hojas. El CAT en inflorescencias fue mayor con HPS28 y HPS18, observándose diferencias significativas al comparar con el obtenido con la cepa BSS y el tratamiento control, tanto en extractos etanólicos como en infusiones. La inhibición del radical ABTS rondó entre el 47.6-94.4%, siendo las inflorescencias del tratamiento HPS28 tanto en extracto etanólico como en infusión las que mostraron mayor actividad antioxidante.

Conclusiones y perspectivas. Los aislados HPS18 y HPS28 promovieron efectivamente el crecimiento de la planta modelo *A. mexicana* en condiciones de invernadero, así como la acumulación de metabolitos secundarios y su actividad antioxidante en todos los tejidos evaluados.

Referencias.

- Herrera-Arroyo, M. L., Rico, Y., & Bedolla-García, B. Y. (2020). Morphotype divergence and genetic diversity of *Hedeoma piperita* Benth. in western Mexico. *Molecular Biology Reports*, 47(11), 8925–8934. <https://doi.org/10.1007/S11033-020-05946-X>
- Egamberdieva, D., Shrivastava, S., & Varma, A. (2015). *Plant-Growth-Promoting Rhizobacteria (PGPR) and Medicinal Plants*. Springer International Publishing Switzerland 2015. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-13401-7>
- Fooladi Vanda, G., Shabani, L., & Razavizadeh, R. (2019). Chitosan enhances rosmarinic acid production in shoot cultures of *Melissa officinalis* L. through the induction of methyl jasmonate. *Botanical Studies*, 60(26), 1–10. <https://doi.org/10.1186/s40529-019-0274-x>



EVALUACIÓN MORFOAGRONÓMICA, FITOQUÍMICA, GENÉTICA Y PROPAGACIÓN *IN VITRO* DE PLANTAS DE LA MESETA PURÉPECHA PARA SU CULTIVO Y APROVECHAMIENTO MEDICINAL

Gema Hernández Maldonado, Flor de Fátima Rosas Cárdenas*, Hortencia Gabriela Mena Violante

Instituto Politécnico Nacional, Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, 55 57296000 ext. 87814, frosac@ipn.mx.

CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: *plantas medicinales, micropropagación, cromatografía.*

Introducción. En San Francisco Cherán, existe una gran tradición de uso de plantas medicinales para distintos fines, algunas de ellas son naturalizadas y otras son nativas de la región, las poblaciones de estas últimas han sido significativamente disminuidas en los bosques de donde se obtienen; tal es el caso de *Eryngium beecheyanum* y *Satureja macrostema* (1). Por lo anterior, se propone una estrategia de conservación *ex situ* mediante el cultivo *in vitro* que implique además la caracterización fitoquímica y morfométrica de las plantas obtenidas.

Metodología. Para el cultivo *in vitro*, de *E. beecheyanum* se probaron tres protocolos de esterilización y seis tratamientos de incubación de semillas para la germinación *in vitro*. Se llevó a cabo una caracterización fitoquímica a partir de cromatografía en capa fina de alta resolución (HPTLC) en *S. macrostema* y *E. beecheyanum*.

Resultados y discusión. Para el cultivo *in vitro* de *E. beecheyanum*, se logró obtener un 0% de contaminación a partir del protocolo de enjuagues consecutivos con etanol al 70%, NaCl 5% y la adición de 0.1% Plant Preservative mixture™ (PPM) en el medio de cultivo. La problemática de contaminación en cultivos *in vitro* del material silvestre ha sido estudiada anteriormente en *E. viviparum* donde se reporta hasta un 60% de contaminación (2).

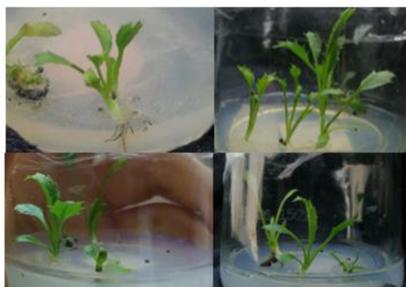


Figura 1. Plántulas de *E. beecheyanum* obtenidas a partir de la germinación *in vitro*.

Se utilizaron tratamientos de incubación en agua destilada estéril y soluciones de ácido giberélico (GA₃) en periodos de 24, 48 y 72 h, no se encontraron diferencias significativas en los tratamientos de incubación, la media del porcentaje de germinación de los tratamientos osciló de los 34.24% al 58.08%, en estudios anteriores del género *Eryngium* se ha demostrado que el porcentaje de viabilidad de las semillas puede ser hasta del 27.3%, encontrando que el uso de ácido giberélico así como la estratificación de las semillas permiten aumentar el porcentaje de germinación (2).

Se obtuvieron infusiones y extractos etanólicos de individuos silvestres de *S. macrostema* y *E. beecheyanum*. Mediante HPTLC se obtuvieron las huellas digitales fitoquímicas y se detectó ácido

rosmarínico en las muestras. El ácido rosmarínico ha sido reportado y cuantificado en especies de plantas medicinales de diversas familias, dicho compuesto es de alta importancia farmacológica debido a sus propiedades antioxidantes, antibacteriales y antiinflamatorias (3).

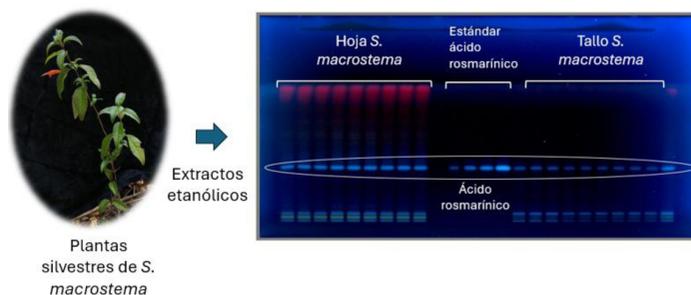


Figura 2. Perfil fitoquímico obtenido de extractos etanólicos de plantas silvestres de *S. macrostema*.

Conclusiones y perspectivas. En este trabajo se logró obtener un método efectivo para la desinfección de semillas silvestres de *E. beecheyanum*, de igual manera se obtuvieron plántulas que serán utilizadas para micropropagación en experimentos posteriores. Se obtuvo el perfil fitoquímico de *S. macrostema* y *E. beecheyanum* a partir de HPTLC así como la cuantificación de ácido rosmarínico, posteriormente dicha información se comparará con la del material vegetal obtenido mediante las técnicas de cultivo *in vitro*.

Agradecimientos. A médicas y pobladores de San Francisco Cherán, CIDIIR-IPN Michoacán, a CONAHCYT por la beca de manutención otorgada y al IPN por la beca (BEIFI).

Referencias.

1. Mena, H. G., García I., Rodríguez M.D., Angoa M. V., Ceja J.A. Cárdenas, J.G. Estrella D. P., Sánchez M. 2023. **Monografías de plantas medicinales en traspatios de Cherán, Michoacán.** UTAP. México. 27-29. ISBN: 978-628-95642-2-8 .
2. Ayuso M, Ramil-Rego P, Landin M, Gallego PP and Barreal ME .2017 Computer-Assisted Recovery of Threatened Plants: Keys for Breaking Seed Dormancy of *Eryngium viviparum*. Front. Plant Sci. 8:2092. doi: 10.3389/fpls.2017.02092
3. Shekarchi M, Hajimehdipoor H, Saeidnia S, Gohari AR, Hamedani MP. 2012. Comparative study of rosmarinic acid content in some plants of Labiatae family. Pharmacogn Mag. 37-41. doi: 10.4103/0973-1296.93316.



DIVERSIDAD GENÉTICA Y RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE *Pseudomonas aeruginosa* EN AMBIENTE AGRÍCOLA DE TAMAULIPAS

Jessica Itzayana Licea Herrera, Carlos Abraham Guerrero Ruíz, Ana Verónica Martínez Vázquez*,
avmartinez@ipn.mx
CBG Reynosa

Palabras clave: *Pseudomonas aeruginosa*, resistencia, virulencia, agrícola.

Introducción. *Pseudomonas aeruginosa* es responsable de infecciones nosocomiales con la tasa de mortalidad más alta de todas las bacterias Gramnegativas, debido en gran medida de los factores de virulencia (FV) que posee, y la resistencia a antibióticos que desarrollan estas cepas (1). No obstante, esta bacteria es un organismo versátil capaz de colonizar variados nichos ecológicos que funcionan como reservorios y vías de transmisión. Los principales hallazgos en estudios ambientales destacan la resistencia de algunas cepas a antibióticos que forman parte del tratamiento convencional contra infecciones por *P. aeruginosa* (Ticarcilina y aztreonam [ATM]) (2). Por ende, el presente estudio tiene como objetivo evaluar los perfiles de resistencia y virulencia de *P. aeruginosa*, así como su diversidad genética en el ambiente agrícola de Tamaulipas.

Metodología. Se tomaron muestras de agua de riego (AR) y suelo agrícola (SA) en el estado de Tamaulipas. El aislamiento e identificación de *Pseudomonas aeruginosa* se realizó por métodos microbiológicos y moleculares. La prueba de susceptibilidad antimicrobiana se realizó probando 12 antibióticos según los criterios del manual del Instituto de Estándares Clínicos y de Laboratorio del 2021. Además, de la identificación por PCR de ocho genes de virulencia. De las cepas analizadas, se seleccionaron 5 cepas aisladas de AR y 5 aisladas de SA para analizar su genoma. A las secuencias se les realizó la limpieza, mapeo y ensamble empleado distintos programas bioinformáticos. Asimismo, se realizó la anotación genómica, así como la obtención del genoma central y periférico. Sumado a esto, se llevó a cabo el análisis *in-silico* de genes de virulencia y resistencia a antimicrobianos, empleando distintas bases de datos.

Resultados y discusión. Se obtuvieron 100 muestras de SA y 100 de AR, con una prevalencia del 55 y 51% de *P. aeruginosa*, respectivamente. Se identificó la presencia de los 8 FV en un 72% de las cepas de SA y 29.3% en AR, siendo los más frecuentes *aprA* (97.6%), *lasB* (96%), *plcN* (96%). En trabajos previos, es frecuente que *P. aeruginosa* presente altos porcentajes de FV, debido a su habilidad de adaptarse al ambiente en el hospedero mediante la secreción de una variedad de FV, los cuales contribuyen a una infección exitosa (1). En cuanto a la prueba de susceptibilidad antimicrobiana, el 38% de los aislados de SA y el 62.8% de AR, mostraron resistencia a al menos un antibiótico probado. El antibiótico al que se encontró mayor número de cepas resistentes fue ticarcilina/ác. clavulánico (TIM; SA: 41% y AR: 28%). En el caso de las cepas de SA, solo mostraron resistencia al antibiótico mencionado y a ATM (2.4%); mientras que en AR las cepas *P. aeruginosa* presentaron resistencia a ATM, a carbapenémicos y aminoglucósidos

para *P. aeruginosa*. Al comparar los actuales resultados con trabajos previos, los patrones o porcentajes de resistencia son muy variables en los diferentes estudios. Esto se debe a que factores ambientales como la región geográfica, los hábitos de consumo de antibióticos en cada región, el tipo de suelo, clima y otras características influyen en esta variación de resistencia en las cepas (3). Por otro lado, el análisis bioinformático obtuvo un genoma central de 5,355 genes compartidos entre las 10 cepas *P. aeruginosa* analizadas. De estos genes, 1,853 pertenecen al genoma periférico. Además, se encontró una asociación entre cepas de SA y AR (Figura 1).

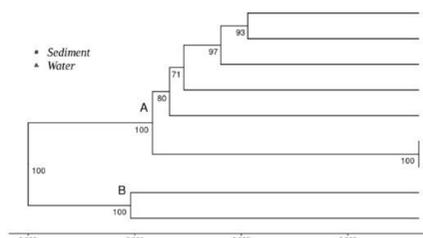


Figura 1. Dendrograma de la asociación entre cepas *P. aeruginosa*.

Conclusiones y perspectivas. En SA y AR en Tamaulipas se identificaron cepas *P. aeruginosa* con gran cantidad de FV, lo cual indica su capacidad de infección. Sin embargo, al probar su susceptibilidad a antibióticos usados en su tratamiento, la mayoría de estos antibióticos son efectivos. Solo la resistencia a TIM (28-41%) en las cepas puede representar una preocupación en salud pública. Por ello, se destaca la necesidad de realizar estudios de este tipo para evaluar su potencial riesgo para la salud pública.

Agradecimientos. Al Centro de Biotecnología Genómica – IPN – en donde se realiza este estudio. Al CONAHcyT por la beca otorgada, así como el financiamiento del proyecto de investigación presente.

Referencias.

- Kaszab E, Radó J, Kriszt B, Pászti J, Lesinszki V, Szabó A, Tóth G, Khaleidi A, Szoboszlay S. 2021. Groundwater, soil and compost, as possible sources of virulent and antibiotic-resistant *Pseudomonas aeruginosa*. *Int J Environ Health Res.* 31(7): 848-860.
- Pitondo-Silva, A., Gonçalves, G. B., & Stehling, E. G. 2016. Heavy metal resistance and virulence profile in *Pseudomonas aeruginosa* isolated from Brazilian soils. *Apms.* 124(8): 681-688.
- Wu, J., Wang, J., Li, Z., Guo, S., Li, K., Xu, P., ... & Zou, J. 2023. Antibiotics and antibiotic resistance genes in agricultural soils: A systematic analysis. *Crit. Rev. Environ. Sci. Technol.* 53(7): 847-864.



CARACTERIZACIÓN DE MICROORGANISMOS AISLADOS DE LA RIZOSFERA DE POBLACIONES NATIVAS DE *Agave durangensis* Y SU EVALUACIÓN COMO PROMOTORES EN EL DESARROLLO DE PLANTAS DE ESTA ESPECIE.

Kenia Mirozlava Favela González, Rene Torres Ricario*.
rtorres@ipn.mx

CIIDIR Durango

Palabras clave: *nativo, Agave durangensis, mezcal, sobreexplotación, bacterias PGPRs, bioestimulación.*

Introducción. En México se encuentra alrededor del 75% del total de especies de agaves identificadas en todo el mundo (159/210) (1). Siendo el agave símbolo de cultura, tradiciones y costumbres. La producción de mezcal es uno de los principales usos del agave en el estado de Durango. Siendo el *Agave durangensis* uno de los agaves con mayor explotación por la industria de la región, que en su mayoría se lleva a cabo a partir de poblaciones naturales. Lo que conlleva a un aumento en la dificultad de extracción de los ejemplares, elevando su costo y disminuyendo las poblaciones silvestres. Siendo la implementación de microorganismos, como bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR, por sus siglas en inglés), aisladas de poblaciones nativas de *A. durangensis*, un sistema que propone la regeneración de las plantaciones naturales; protegiendo y preservando los nichos silvestres. Ya que dichas bacterias, estimulan el crecimiento vegetal mediante la solubilización de nutrientes, síntesis de reguladores de crecimiento, fijación de nitrógeno, producción de sideróforos y control de fitopatógenos (2).

Planteamiento del problema. El *Agave durangensis* es un recurso estratégico para la creciente industria del mezcal en la región de Durango. Industria que es impulsada tanto por el gobierno estatal y municipal. Sin embargo, es importante mantener las plantaciones silvestres de este agave, por su múltiple riqueza cultural y su alto valor ecológico.

Justificación. Debido a la creciente industria mezcalera en la región de Durango y aunado a la sobreexplotación de poblaciones silvestres de *A. durangensis*, es importante establecer un sistema que favorezca el desarrollo sostenible de esta planta con la finalidad de optimizar su uso y protección a corto, mediano y largo plazo, a través de su bioestimulación mediante microorganismos nativos. Logrando un mayor entendimiento respecto a la propagación y cuidado de este agave endémico de la región.

Objetivo general. Caracterizar microorganismos aislados de la rizosfera de poblaciones nativas de *Agave durangensis* y evaluar su potencial como promotor del crecimiento en plantas de esta especie.

Objetivos particulares. (I) Muestrear y caracterizar los sitios de las poblaciones nativas establecidas. (II) Aislar y seleccionar los microorganismos de las diferentes poblaciones, caracterizándolos microbiológica y molecularmente. (III) Cultivar y formular los microorganismos nativos seleccionados. (IV). Evaluar formulados microbiales sobre el desarrollo de planta de *A. durangensis* en condiciones de vivero durante 12 meses.

Estrategia metodológica. El aislamiento de las bacterias nativas se realizará a partir de la rizosfera de individuos de *A. durangensis* de dos zonas de muestreo: (A) Nombre de Dios, Durango y (B) La

Campana, Mezquital, Durango; donde se tomarán muestras de suelo y raíz, trabajándolos por separado. En el laboratorio se efectuarán diluciones seriadas siguiendo la NOM-110-SSA1-1994, con la finalidad de obtener cepas aisladas, con las cuales proceder a identificar tanto morfológicamente, como genéticamente. Una vez que se tengan identificadas las bacterias por cada población de agave, se procederá a cultivarlas individualmente, hasta obtener un polvo fino con concentraciones en UFC/g favorables para una posterior formulación. Ya con los consorcios de bacterias PGPR con las mejores características para cada zona (A y B), se procederá a un ensayo *in vivo*, con plántulas de *A. durangensis* fertilizadas con los formulados desarrollados a tres concentraciones diferentes vs dos controles (comercial y negativo). En éste ensayo se evaluarán durante 12 meses los cambios fisicoquímicos, genéticos y los aspectos morfométricos de las plántulas del agave; comparando resultados contra los controles positivo y negativo. En la figura 1 se muestra el esquema de trabajo en vivero para el ensayo *in vivo*.



Figura 1. Esquema de trabajo para ensayo *in vivo* de estimulación de plántulas de *A. durangensis*: sistema de acolchado y riego por goteo, (bloques al azar, por triplicado).

Resultados esperados. Los microorganismos nativos aislados de poblaciones silvestres de *A. durangensis* promoverán una mejora en el crecimiento vegetal, generando individuos con mejores características para la supervivencia en campo; ayudando así, a la regeneración de las poblaciones nativas de esta especie.

Referencias.

- García-Mendoza AJ., Franco-Martínez, IS., Sandoval-Gutiérrez, D. 2019. Cuatro especies nuevas de *Agave* (*Asparagaceae*, *Agavoideae*) del sur de México. *Acta Botánica Mexicana*, 126.
- dos Santos RM, Díaz PAE, Lobo LLB, Rigobelo EC. 2020. Use of Plant Growth-Promoting Rhizobacteria in Maize and Sugarcane: Characteristics and Applications. *Front. Sustain. Food Syst.* 4:136.



IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS FUNCIONAL DE GENES CODIFICANTES PARA FACTORES TRANSCRIPCIONALES MIEMBROS DE LA FAMILIA AP2 INVOLUCRADOS EN LA RESPUESTA A ÁCIDO ABCÍSIICO DEL MUSGO *Pseudocrossidium replicatum*

Leyva-Abascal Lucero, Galván-Gordillo Santiago Valentín, Ríos-Meléndez Selma, Arroyo-Becerra Analilia, Xianwu-Guo Zhou, Villalobos-López Miguel Angel*.

*Autor de correspondencia email: mvillalobos@ipn.mx
CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: genes AP2/ERF, regulación de genes, ABA, *Pseudocrossidium replicatum*, estrés abiótico.

Introducción. *Pseudocrossidium replicatum* es un musgo aislado en México y considerado como una planta completamente tolerante a la desecación debido a su capacidad para recuperar su actividad fotosintética después de un proceso de deshidratación completo (1). En respuesta a estrés abiótico, *P. replicatum* activa una serie de genes que codifican para Factores Transcripcionales (FTs). Las proteínas de la familia de FTs AP2/ERF son clave en la activación de las respuestas dependientes e independientes de ácido abscísico (ABA) en plantas (2). Aunque estos genes han sido descritos y caracterizados en diversas plantas, poco se sabe sobre sus funciones específicas en musgos completamente tolerantes a la desecación (3). El objetivo de este trabajo es identificar y analizar un grupo de FTs AP2/ERF en respuesta a ABA del musgo *P. replicatum*.

Metodología. A través de un análisis *in silico* de transcriptomas, se seleccionaron genes miembros de la familia AP2/ERF del musgo *P. replicatum* bajo un tratamiento de ABA para su posterior análisis. Para la validar su expresión, se obtuvo tejido protonemal de *P. replicatum* sometido a un tratamiento con ABA (10 μ M) durante 15, 30, 60, 180 min, y 24 h para realizar extracción de RNA total. Los RNAs obtenidos se usaron para la síntesis del cDNA que será utilizado en los estudios de expresión por RT-qPCR. Se realizará un análisis fenotípico de la sobreexpresión o silenciamiento de los genes seleccionados en un fondo heterólogo en un modelo de planta vascular: *Arabidopsis thaliana* y en *Physcomitrium patens* para plantas no vasculares.

Resultados y discusión. Ha sido posible identificar genes codificantes para FTs de la familia AP2/ERF a partir del análisis transcriptómico de datos. De un total de 228 genes diferencialmente expresados en el tratamiento con ABA, 82 codifican para FTs y de ellos el 56% (46) corresponden a FTs de la familia AP2/ERF. La subfamilia más abundante es la B3. Los genes que cumplen los criterios de selección incluyendo mayor valor de FC, transcrito completo y al menos estar en una condición de estrés como deshidratación, rehidratación, NaCl y ABA son: DREB2A, DREB3, ABI3, ERF03 y ERF110.

En la Figura 1 se pueden observar que los genes DREB2A y DREB3 se expresan en presencia de ABA, lo que es consistente porque las vías dependientes de ABA se activan como respuesta a distintos tipos de estrés como la deshidratación. Genes como ERF03 se activan sólo en respuesta a adaptaciones en cambios ambientales como el frío o el calor, por esa razón en la Figura 1 observamos que este gen se encuentra reprimido.

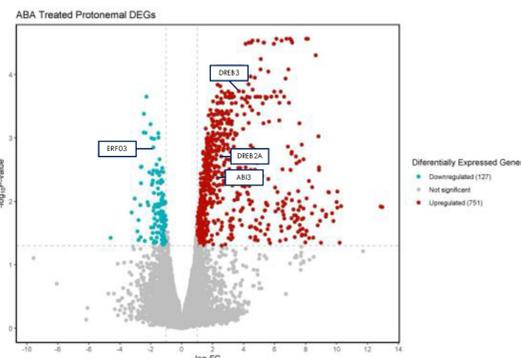


Figura 1. Ejemplos de genes de la familia de FTs AP2/ERF diferencialmente expresados en un tratamiento con ABA 10 μ M.

Conclusiones y perspectivas.

Es relevante estudiar el rol que juegan los FTs miembros de la familia AP2/ERF en los mecanismos de respuesta a estrés en plantas completamente resistentes a la desecación. Este trabajo muestra un primer vistazo a la respuesta molecular de los miembros de la familia AP2/ERF involucrados en la respuesta a estrés del musgo *P. replicatum*.

Agradecimientos. MAVL agradece al CONACYT Ciencia Básica proyecto A1-S.35357. SRM, AAB y MAVL, agradecen al apoyo SIP-IPN con números 20230516, 20232620 y 20231853, respectivamente y al apoyo COFFA-IPN. LLA, agradece al CONAHCYT y al apoyo BEIFI-IPN.

Referencias.

- Ríos-Meléndez S, Valadez-Hernández E, Delgadillo C, Luna-Guevara ML, Martínez-Núñez M, Sánchez-Pérez M, Martínez-Pérez J, Arroyo-Becerra A, Cárdenas L, Bibbins-Martínez M, Maldonado-Mendoza I, Villalobos-López MA. (2021). *Pseudocrossidium replicatum* (Taylor) R.H. Zander is a fully desiccation-tolerant moss that expresses an inducible molecular mechanism in response to severe abiotic stress. *Plant Molecular Biology*, 107: 387-404.
- Mizoi J, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K. (2012). AP2/ERF family transcription factors in plant abiotic stress responses. *Biochimica et Biophysica Acta* 1819: 86–96.
- Villalobos-López MA, Arroyo-Becerra A, Quintero-Jiménez A, Iturriaga G. (2022). *Biotechnological Advances to Improve Abiotic Stress Tolerance in Crops*. Int. J. Mol. Sci. 23:12053. <https://doi.org/10.3390/ijms231912053>



VARIABILIDAD GENÉTICA DE PLANTAS DE *Agave durangensis* OBTENIDAS POR CULTIVO DE TEJIDOS VEGETALES *IN VITRO* Y POR SEMILLA

Lorena Amador Sierra, José Antonio Ávila Reyes *

jaavre@yahoo.com.mx
CIIDIR Durango

Palabras clave: Reproducción, sobreexplotación, conservación, variabilidad genética, micropropagación.

Introducción. A nivel mundial existen aproximadamente 200 especies de *Agave*, de las cuales 150 se encuentran en México. Este género es uno de los más representativos en México por su abundancia e importancia cultural y económica. *Agave durangensis* es una especie endémica del sur de Durango y norte de Zacatecas y representa sustento para la industria regional productora de mezcal artesanal (1). Las poblaciones silvestres de este agave están amenazadas debido a la sobreexplotación y tipo de reproducción, que es principalmente por semilla, poniendo en riesgo la permanencia de su aprovechamiento y su subsistencia. Por lo anterior, deben realizarse esfuerzos urgentes de conservación y de aprovechamiento racional. Una alternativa para contribuir a lo anterior es desarrollar métodos alternativos de propagación, como la generación de vitroplantas, para mantener sus poblaciones silvestres y para al mismo tiempo, establecer plantaciones. Sin embargo, estos métodos pueden alterar la variabilidad genética, lo cual puede ser útil para su proceso de domesticación y de mejoramiento, por lo que su evaluación debe estimarse (2).

Planteamiento del problema. Como consecuencia del proceso de recolección de *Agave durangensis* para satisfacer la demanda de materia prima en la elaboración de mezcal se ha ocasionado la disminución del tamaño y número de las poblaciones naturales de esta especie. Además, el proceso de domesticación y mejoramiento de la especie se podría acelerar con métodos de micropropagación.

Justificación. Debido a su importancia cultural, social y económica es recomendable desarrollar estrategias de propagación para *A. durangensis* que eviten la reducción de sus poblaciones naturales. Los procesos de domesticación y mejoramiento se pueden acelerar con el desarrollo de protocolos de propagación *in vitro*. Sin embargo, para la especie, actualmente no se han desarrollado métodos adecuados de micropropagación (3).

Objetivo general. Desarrollar un protocolo de micropropagación y determinar y comparar la variabilidad genética entre vitroplantas y plantas obtenidas por semilla de *Agave durangensis*.

Objetivos particulares. Estandarizar las condiciones de micropropagación en función, básicamente, de fito-reguladores del crecimiento y fotoperiodo durante la incubación. Determinar la variabilidad genética, con marcadores ISTR, de plántulas de *Agave durangensis* obtenidas *in vitro*. Determinar la variabilidad genética, con los mismos marcadores, de plántulas de *Agave durangensis* obtenidas por semilla. Finalmente, comparar la variabilidad genética de las plantas obtenidas *in vitro* con la de las plantas obtenidas por semilla.

Metodología. Germinados de aproximadamente 2 cm de altura se utilizarán como explantes para establecer los cultivos *in vitro*. Se buscará la generación de brotes por organogénesis directa. Se

evaluarán diferentes tipos y concentraciones de auxinas y citocininas en el medio nutritivo base de Murashige. Los explantes se incubarán bajo diferentes regímenes de fotoperiodo. Para estimar la variabilidad genética de plantas obtenidas por semilla y obtenidas *in vitro* se aislará el ADN (4), partir de 30 plantas jóvenes en cada caso, que se analizarán de manera individual. El ADN obtenido se cuantificará y evaluará su pureza por métodos espectrométricos, y se evaluará su tamaño molecular e integridad por electroforesis en geles de agarosa. Cada muestra de ADN se amplificará por PCR con al menos 8 combinaciones de primers ISTR. Los perfiles de amplificación se determinarán por electroforesis en geles de acrilamida y tinción con sales de plata. Con los perfiles de amplificación se construirán matrices binarias de presencia/ausencia que se someterán a los programas de cómputo Popgen para estimar polimorfismo, índices de variabilidad de Nei y de Shannon, Identidad génica, y Past 4.0 para someter las matrices a análisis de agrupamiento y análisis de componentes principales (PCA).

Resultados esperados. La estandarización de un protocolo de micropropagación para *Agave durangensis*, la estimación del nivel de variabilidad genética generada *in vitro*, y su comparación con plantas obtenidas por semillas. Con los resultados se espera participar en congresos y realizar al menos una publicación en una revista científica.

Referencias.

- González, B. M. y Núñez, H. G. 2015. Micropropagación de *Agave durangensis* en un sistema de inmersión temporal (SIT). <https://www.jovenesenlaciencia.ugto.mx/index.php/jovenesenlaciencia/article/view/312>
- Bautista, L. A., Parra, R. F. y Espinosa-García, F. J. 2012. Efectos de la domesticación de plantas en la diversidad Fitoquímica. Temas Selectos en Ecología Química de Insectos. J. C. Rojas y E. A. Malo (eds.) México. 253 – 267
- Ramírez-Malagón, R. Borodanenko, A. Pérez-Moreno, L. Salas-Araiza, M. D. Nuñez-Palenius H. G. Ochoa-Alejo, N. 2008. *In vitro* propagation of three *Agave* species used for liquor distillation and three for landscape. *Plant and Cell Tissue and Organ Culture* 94, 201-207. DOI: 10.1007/s11240-008-9405-x
- Kebl-Llanes, M., González, G., Chi-Manzanero, B., Infante, D. 2002. A rapid and simple method for small scale DNA extraction in Agavaceae and other tropical plants. *Plant Molecular Biology Reporter*. <https://www.researchgate.net/publication/257178589>



EVALUACIÓN DE LA FERTILIZACIÓN MIXTA EN LOS COMPONENTES DEL RENDIMIENTO DE PASTO OVILLO (*Dactylis glomerata* L.).

Javier Ruiz Romero, Rigoberto Castro Rivera*, Francisco Roberto Quiroz Figueroa, María Myrna Solís Oba, Gisela Aguilar Benítez, Abdú Orduña Diaz.

rcastor@ipn.mx
CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: Forraje, ovillo, vermicomposta, urea.

Introducción. Las especies vegetales destinadas a la producción de forrajes constituyen una parte importante en la dieta de los rumiantes, el incrementar el rendimiento mediante manejo agronómico (1) representa una alternativa para reducir los altos costos en la producción animal. El objetivo de este trabajo fue evaluar fertilizaciones mixtas de urea y vermicomposta, así como frecuencias de defoliación en el rendimiento de materia seca y contenidos de clorofila en pasto ovillo en condiciones de invernadero.

Metodología. Las semillas fueron de la especie *Dactylis glomerata* L. las fertilizaciones evaluadas fueron control (V:0 U:0) vermicomposta (V:100 U:0), urea (V:0 U:100), fertilización mixta en dosis alta (V:100 U:100) y fertilización mixta en dosis media (V:50 U:50). Se hizo un manejo de defoliaciones a 4 y 6 semanas (2). Las variables evaluadas fueron: materia seca, composición morfológica, y contenidos de clorofila. Se usó un diseño completamente al azar con arreglo factorial. Los resultados fueron analizados mediante ANOVA y Tuckey HSD con el software SAS.

Resultados y discusión. Los resultados obtenidos (cuadro 1) indican que en primavera la mayor fertilización V:100 U:100 dio un incremento en el rendimiento de 64% y 398% con la defoliación de 4 y 6 semanas respectivamente a comparación del testigo V:0 U:0. En verano dio aumentos de 76% y 290% con frecuencias de corte de 4 y 6 semanas respectivamente a comparación de V:0 U:0, siendo primavera-verano el periodo de mayor rendimiento. En otoño e invierno los mejores rendimientos fueron con V:100 U:100, dando incrementos en promedio de 260% con respecto al testigo para ambas frecuencias de corte.

Cuadro 1. Rendimientos acumulados por tratamiento y frecuencia de corte.

Fertilización	Primavera		Verano		Otoño		Invierno	
	4s	6s	4s	6s	4s	6s	4s	6s
V:0 U:0	1845 B	486 d	1651 C	1199 d	880 C	430 d	747 C	280 c
V:100 U:0	2557 B	902 c d	2479 A B	2362 c	2112 B	1560 c	2625 A B	175 2 b
V:0 U:100	2559 A B	1661 b	2287 B	3137 b	2424 A B	2504 b	2323 A B	225 6 a
V:100 U:100	3030 A	2423 a	2913 A	4207 a	2984 A	3240 a	2894 A	261 6 a
V:50 U:50	2804 A	1522 b c	2721 A B	2765 b c	1848 B	1912 b c	2196 B	147 2 b

Letras semejantes por columna indican que no hubo diferencias ($P > 0.05$) para esa frecuencia de corte

A las 4 semanas hubo mayores cantidades de clorofila y menores pesos de componentes morfológicos poco nutritivos como el tallo y el material senescente para todos los tratamientos a comparación del intervalo de 6 semanas (fig. 1).

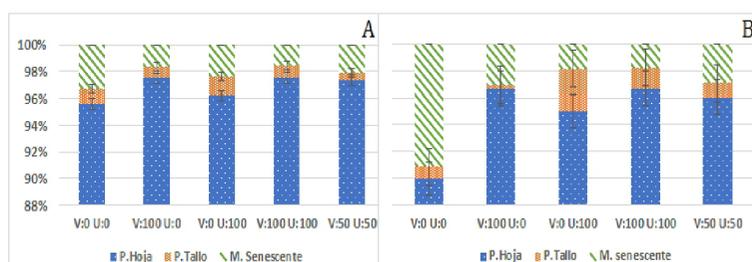


Fig. 1 Componentes morfológicos acumulados en un año con las frecuencias de corte de 4 semanas (A) y 6 semanas (B).

Conclusiones y perspectivas. La combinación de vermicomposta y urea es una buena alternativa para aumentar el rendimiento, siendo la aplicación de V:100 U:100 kg ha⁻¹ la que dio la mayor materia seca. Se sugiere la frecuencia de corte de 4 semanas debido al alto rendimiento que se obtuvo de biomasa, aunado a las altas lecturas de clorofila que presentó y la menor cantidad de componentes morfológicos de poco valor nutritivo, a comparación de la defoliación cada 6 semanas. Se recomienda combinar los factores de manejo y fertilización mixta para maximizar los rendimientos y así permitir una mejor producción de forraje por hectárea.

Se aislarán componentes de la pared celular mediante digestiones de fibra y posteriormente mediante análisis de FTIR se cuantificará en hojas la composición de la pared vegetal.

Agradecimientos. A CONACYT por la beca asignada a 889355 y a la SIP-IPN por financiamiento al proyecto SIP20240617.

Referencias.

- (1) Pérez, B. M. T., Hernández, G. A., Pérez, P. J., Herrera, H. J. G., Bárcena G. R. 2002. Respuesta productiva y dinámica de rebrote del Ballico perenne a diferentes alturas de corte. *Técnica Pecuaria en México*. 40(3):251-263
- (2) Hernández-Garay, A., Matthew, C. And Hodgson, J. 1997. Effect of spring grazing management on perennial ryegrass and ryegrass-white clover pastures. *New Zealand J. Agricultural Research*. 40(1):25-35



EVALUACIÓN MOLECULAR Y BIOQUÍMICA DEL EFECTO DEL BIOPRIMING DE SEMILLAS DE MAÍZ (*Zea mays* L.) CON CEPAS DEL HONGO BIOCONTROLADOR *Trichoderma* SPP.

MC. Luis Angel Morales Mora, Dr. Ignacio Maldonado Mendoza y Dra. Martha Bibbins Martínez*.

mbibbinsm@ipn.mx

Palabras clave: Control biológico, *Trichoderma*, Maíz, Biopriming, Micotoxinas, Promoción vegetal

CIBA-Tlaxcala

Introducción. El cultivo de maíz es el tercer cereal más importante a nivel global, en México destaca por ser centro de origen y diversificación, actualmente el país ocupa el séptimo lugar como productor a nivel global (1). Entre las principales problemáticas del cultivo se encuentran enfermedades de carácter fúngico como la pudrición radicular y contaminación de semillas, por los patógenos *Fusarium verticillioides* y *Aspergillus flavus* respectivamente. Los cuales además se clasifican como toxigénicos (2). Una de las vías alternas al uso de agroquímicos para el control de estos hongos fitopatógenos, es el control biológico mediado por microorganismos antagonistas, por medio de metabolitos secundarios o por tratamiento de semillas, con especial énfasis en técnicas de protección y preparamiento de semillas como el biopriming(3), esta última técnica "biopriming" se hipotetiza que tendrá un mejor efecto haciendo uso de cepas antagonistas endófitas al cultivo o en el mejor de los casos de cepas asociadas a la planta de interés. Por lo tanto, el principal objetivo del trabajo es estudiar el efecto del biopriming con *Trichoderma* spp., endófitas sobre semillas de maíz frente al estrés biótico ocasionado por *A. flavus* y *F. verticillioides*.

Metodología. Se comienza generando una colección de hongos del género *Trichoderma* y otros hongos asociados a la rizosfera del teosinte (planta ancestro del maíz). Posteriormente se caracterizan las cualidades de promoción del crecimiento vegetal y de su capacidad de antagonismo y biocontrol sobre los fitopatógenos de interés, de próximo a la selección de las mejores cepas se valorará su impacto al usarse como agentes de biocebado sobre semillas de maíz de 4 variedades locales y el mismo teosinte. En la última etapa se pretende analizar la expresión de genes blanco, involucrados en la resistencia inducida de la planta mediada por la inoculación de las cepas endófitas de *Trichoderma*.

Resultados y discusión. Se aisló un total de 16 hongos asociados a la rizosfera del teosinte, 10 pertenecen al género *Trichoderma* y los 6 restantes aún no son identificados. Hasta el momento la cepa ASP de *T. asperellum* ha mostrado un mejor control sobre los fitopatógenos en base al porcentaje de inhibición *in vitro*, mediante mecanismos reportados como micoparasitismo. Sin embargo, tras la evaluación de sus cualidades como promotoras de crecimiento vegetal las cepas con mejores resultados fueron *T. atroviride* TWT exógena, *Trichoderma* e y j endófitas. Por último, tras evaluar el efecto de los hongos en su capacidad de detoxificación o inhibición de la síntesis de aflatoxinas *in vitro*, se observaron los mejores resultados en las cinéticas de cultivo dual para las cepas TK11, TE y T.J. frente a patógeno *A. flavus*. En la figura 1 se muestra el efecto del antagonismo de la cepa TK11 sobre los fitopatógenos.

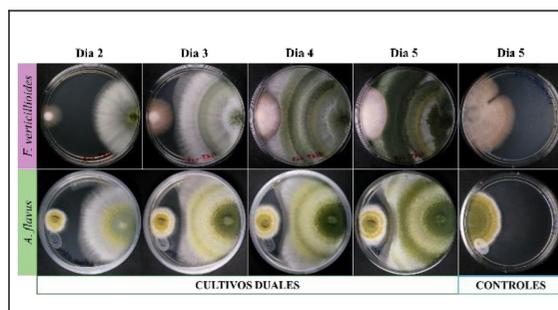


Figura 1. Cinética de la interacción antagonista de la cepa TK11 de *T. koningiopsis* sobre los fitopatógenos.

Conclusiones y perspectivas. Las cepas *T. atroviride* (Twt), *T. asperellum* (ASP) presentaron los índices de antagonismo mayores contra los fitopatógenos Af y Fv. Por otro lado, las mejores cualidades de promoción del desarrollo vegetal (solubilización de fosfatos, producción de ácidos orgánicos y sideróforos, así como impacto en la biomasa vegetal y radicular) las mostraron las cepas endófitas del género *Trichoderma* sp y la *T. koningiopsis* exógena. Esta última parece generar un antagonismo por medio de antibiosis, este último podría estar mediado por un metabolito de carácter antimicrobiano, lo cual podría explicar el impacto sobre la biosíntesis de AFs que se observa tras la fluorescencia monitoreada durante su interacción con *A. flavus*. Las perspectivas para esta investigación es realizar el biopriming con las cepas seleccionadas y evaluar los perfiles de expresión génica de los genes relacionados con la resistencia sistémica inducida. De la mano se planea realizar el monitoreo de los metabolitos que se secretan con un análisis del Metaboloma entre estos hongos y la planta de maíz.

Agradecimientos. Proyecto SIP 20231995, CONACYT, beca 1003924 y al comité tutorial que supervisa este proyecto

Referencias.

1. Rouf Shah, T., Prasad, K., & Kumar, P. (2016). Maize: A potential source of human nutrition and health: A review. *Cogent Food Agric.* 2(1), 1166995
2. Sarrocco, S., Mauro, A., & Battilani, P. (2019). Use of competitive filamentous fungi as an alternative approach for mycotoxin risk reduction in staple cereals. *Toxins.* 11(12), 701.
3. Swain, H., Adak, T., Mukherjee, A. K., Sarangi, S., Samal, P., Khandual, A., & Zaidi, N. W. (2021). Seed biopriming with *Trichoderma* strains isolated from tree bark improves plant growth, antioxidative defense system in rice and enhance straw degradation capacity. *Front. Terr. Microbiol.* (12), 633881.



PRODUCCIÓN DE MICROENCAPSULADOS BIORRACIONALES PARA EL CONTROL DE *Blatella germanica* (L.) (DICTYOPTERA: BLATTELLIDAE)

Luis Daniel Calzada Martínez *, María Berenice González Maldonado
 daniel_calzada4@hotmail.com
 CIIDIR Durango

Plagas urbanas, *B. germanica*, Árbol de Neem, microencapsular, óxido de aluminio

Introducción. Una de las plagas urbanas más importantes a nivel mundial es la cucaracha alemán *Blatella germanica* (L) su categoría de plaga está determinada por la irritación que produce su presencia en las viviendas y su relación con malos hábitos de higiene (1, 2). Las estrategias de control de este insecto se han basado en la utilización de insecticidas químicos sintéticos, a los cuales la especie ha desarrollado resistencia(3,4,5). En pruebas de laboratorio con distintas plagas el Árbol de Neem (*Azadirachta indica*) ha demostrado tener un gran potencial como plaguicida su principal componente insecticida se extrae de las semillas el "Azadirachtin" que interfiere en el desarrollo y la alimentación del insecto (6). El óxido de aluminio (Al_2O_3) es una arcilla común del suelo que al reducir sus partículas a 40-60nm es transformada en Alúmina nanoestructurada (NSA) adquiere propiedades insecticidas ya que secuestra las ceras del insecto exponiéndolo a la evaporación y a la muerte por deshidratación. (7). En esta investigación se plantea microencapsular estos dos compuestos activos biorracionales en esferas de 3 a 10 μm con la finalidad de aumentar su eficiencia al contacto con la cucaracha al aplicarse de forma líquida y su residualidad en ambientes urbanos para el control de plagas como *B. germanica*.

Planteamiento del problema. ¿Cómo desarrollar métodos de control más ecológicos, efectivos y económicos para combatir la propagación de *B. germanica*, que transmite diversos organismos patógenos y ha desarrollado resistencia a un amplio rango de insecticidas?

Justificación. En esta sección describirá la importancia de su trabajo de tesis, los argumentos fundamentales que sustentan la importancia de la investigación. su contribución o impacto científicos. Explicar la razón por la que se requiere o desea realizar este trabajo de investigación.

Objetivo general. *B. germanica* transmite diversos organismos patógenos, tiene un elevado potencial reproductivo, es resistente a un amplio rango de insecticidas, provoca un uso excesivo de químicos para su combate, por tales motivos es necesario buscar alternativas de control más ecológicas, efectivas y económicas a las que actualmente se utilizan.

Objetivos particulares.

1. Elaboración de la Alúmina Nanoestructurada (NSA) para su microencapsulación en lecho fluidizo.
2. Producción de un insecticida microencapsulado a base de Neem y NSA.

3. Evaluar de la correcta formación y tamaño de micropartículas de los microencapsulados.
4. Determinar las Dosis y Tiempos Letales.
5. Llevar a cabo pruebas de efectividad biológica en áreas urbanas con plaga de *B. germanica*

Estrategia metodológica. Se adquirirán 10 kg (Al_2O_3), para transformar en NSA, por síntesis hidrotérmica para obtener partículas nanométricas de 40-60 nm, y se adquirida el compuesto de extractos de Neem comercial, posteriormente se procederá a microencapsular el NSA por el método de lecho fluidizado y el Neem por medio del método de secado por aspersión utilizando un alginato como encapsulante en ambos casos. Teniendo los compuestos microencapsulados se procede reproducir cucarachas colectadas en áreas urbanas en cámaras de cría hasta una tercera generación para hacer pruebas de Dosis Letales (DL) y Tiempos Letales (TL) para estimar la DL 50-90 y la TL 50-90 por medio del modelo estadístico PROBIT, determinando las dosis mínimas necesarias mas efectivas y los tiempos letales, los compuestos microencapsulados se aplicaran en 6 áreas urbanas plagadas, 3 para NSA y 3 para Neem, se estimara la población de cucarachas promedio por m² inicial antes de la aplicación y a las 72 hrs posterior de la aplicación utilizando el modelo estadístico de t de student para establecer si hay diferencia significativa en la reducción de poblaciones de *B. germanica* en ambientes urbanos.

Resultados esperados.

- Una encapsulación uniforme de los compuestos activos entorno a los 40-60 nm.
- Una DL 50 de los microencapsulados en 72 hrs o menos
- Facilidad de dispersión de los compuestos en las áreas de aplicación.
- Que los compuestos microencapsulados logren reducir en 72 horas o menos al 60% de una población de cucaracha alemana en áreas urbanas.

Referencias.

1. Taiariol D. R. 2001. Resistencia en Cucaracha *Blatella germanica*. Acta toxicológica Argentina, Asociación toxicológica de Argentina 9 pp 92.
2. Brattsten, L. B., Holyoke, C. W., Jr.; Leeper, J. R. and Raffa, K. F. 1986. Insecticide resistance: challenge to pest management and basic research. Science 231, 1255- 1260.
3. Stadler, T., Buteler M., Weaver D. 2010. Nano insecticidas: Nueva perspectiva para el control de plagas. Revista de la Sociedad Entomológica Argentina. 69, No. 3-4. pp. 149-153.



EVALUACIÓN DE UN ESTIMULANTE NATURAL COMO MEJORADOR DE LA RESPUESTA AL ESTRÉS SALINO DE *Agave durangensis*

Juan Francisco Valenzuela Agüero, *Norma Almaraz Abarca.

Laboratorio de biotecnología, Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR Unidad Durango,
Calle sigma No. 119, Fracc. 20 de Noviembre II, C.P. Durango, México; tel.: (+52) 6181003554; email: nalmaraz@ipn.mx
CIIDIR Durango

Palabras clave: Bioestimulante, estrés salino, compuestos fenólicos, *Agave*, propóleo.

Introducción. Los suelos salinos representan un desafío para la agricultura. Para el año 2050, pueden experimentar un aumento significativo debido a la sequía, afectando más del 50% de la tierra cultivable global (2). Esto subraya la necesidad de estudiar respuestas al estrés salino para el cultivo de especies como *Agave durangensis*, utilizado en la producción de mezcal en Durango y de importancia cultural, económica, y ecológica (1). Una estrategia potencial para cultivar plantas en suelos salinos es el uso de estimulantes naturales como el propóleo. Éste es un producto apícola con propiedades antimicrobianas y composición química diversa, que incluye aminoácidos, azúcares, vitaminas y compuestos fenólicos (3, 4). El objetivo del presente trabajo es evaluar el potencial del propóleo como mejorador de las respuestas de *A. durangensis* al estrés salino durante la germinación y estados tempranos del desarrollo de plántulas.

Metodología. Se recolectaron muestras de propóleo de colmenas ubicadas en el poblado la Soledad en el municipio de Canatlán, Durango, México. Se compararon muestras almacenadas a temperatura ambiente y muestras almacenadas a $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ por 24 horas. Los extractos fenólicos se prepararon por maceración en etanol al 80% y se determinó, por métodos espectrométricos, el contenido de fenoles totales (3), flavonoides (3) y taninos condensados, y por HPLC-DAD se determinó la composición de flavonoides y de ácidos fenólicos (3). Se utilizaron semillas de *A. durangensis* obtenidas en el Coyote municipio de El Mezquital, Durango. Se registraron los días a la germinación, semillas germinadas/día. Con esos registros se estimó el porcentaje, velocidad, y homogeneidad de germinación.

Resultados y discusión. Los contenidos de fenoles totales, taninos condensados y flavonoides (Cuadro 1) fueron más altos en la muestra congelada de propóleo, lo que revela la importancia de las condiciones de almacenamiento para obtener mayores cantidades de compuestos fenólicos en este producto apícola.

Cuadro 1. Contenido de fenoles totales, flavonoides y taninos condensados en el propóleo analizado.

	Fenoles totales (mg EAG/g ES)	Flavonoides (mg EQE/g ES)	Taninos conensados (mg EEPI/g ES)
EEP	26.309 \pm 0.623	10.069 \pm 0.010	6.344 \pm 0.311
EEPC	42.419 \pm 3.330	16.201 \pm 1.087	10.059 \pm 1.119

EEP = Extracto etanólico de propóleo EEPC = Extracto etanólico de propóleo congelado ES = Extracto seco de propóleo EAG = Equivalentes de ácido gálico EQE = Equivalentes de quercetina EEPI = Equivalentes de epicatequina

Los resultados de HPLC-DAD (Figura 1) indicaron una compleja composición fenólica para el propóleo del estado de Durango analizado, revelando 25 compuestos fenólicos, entre los cuales predominaron dihidroflavonoides (1, 7, 8, 10, 11, 13, 17, 18 y 24),

derivados de ácidos fenólicos (2, 3, 4, 5, 6, 9 y 25), flavonoles (12, 14, 15, 16, 20 y 21) y flavonas (19, 22 y 23).

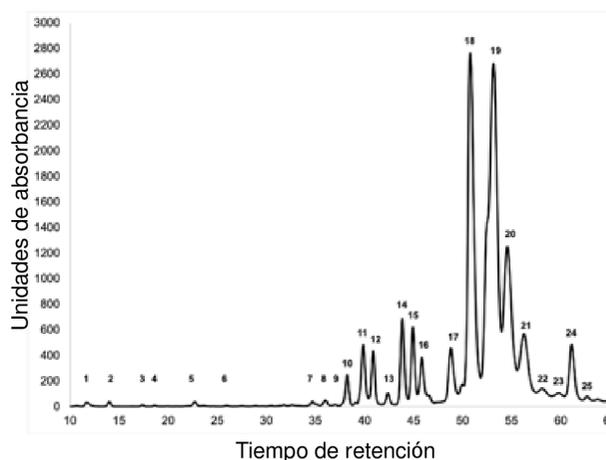


Figura 1. Cromatograma de HPLC-DAD para el extracto etanólico de propóleo registrado a 265 nm

La germinación (%) de las semillas de *A. durangensis* varió entre 80 y 95 %, según el tratamiento. El valor más alto se registró para las semillas tratadas con 6 mg/mL de EEP y NaCl 60 mM, mientras que el más bajo para las semillas tratadas con 24 mg/mL de EEP y NaCl 60mM.

Conclusiones y perspectivas. El propóleo analizado del estado de Durango es rico en diversidad y contenido de compuestos fenólicos, lo que lo convierte en un recurso potencialmente valioso para la industria. El almacenamiento del propóleo a -20°C favorece la liberación de compuestos fenólicos presentes en el propóleo. El extracto de propóleo causó variaciones en la germinación de semillas bajo condiciones variables de salinidad.

Agradecimientos. A la Dra Norma Almaraz por el apoyo financiero a través del proyecto SIP 20240728. Al CONAHCYT por la beca otorgada con folio de CVU 704351.

Referencias.

- Gallegos-Hernández, G., Almaraz-Abarca, N., Delgado-Alvarado, E. A., Ávila-Reyes, J. A., & Torres-Ricario, R. (2024). Variation of the chemical and biochemical responses to salinity during germination and early growth of seedlings of two populations of *Agave durangensis* Gentry. *Plant Science Today*. <https://doi.org/10.14719/pst.2963>
- Ilangumaran, G., Schwinghamer, T., & Smith, D. L. (2021). Rhizobacteria From Root Nodules of an Indigenous Legume Enhance Salinity Stress Tolerance in Soybean. *Frontiers In Sustainable Food Systems*, 4. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2020.619798>
- Pellati F, Orlandina G, Pinetti D, Benvenutia S (2011). HPLC-DAD and HPLC-ESI-MS/MS methods for metabolite profiling of propolis extracts. *Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis* 55:934-948.
- Semida, W. M., & Rady, M. M. (2014). Presoaking application of propolis and maize grain extracts alleviates salinity stress in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Scientia Horticulturae*, 168, 210-217. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2014.01.042>



DIVERSIDAD DEL MICROBIOMA EN PLANTAS SILVESTRES COMESTIBLES

Robles Bueno Grecia, Ruiz Font Angelica del Carmen
Larralde Corona Claudia Patricia*
plarralde@ipn.mx
CBG Reynosa

Palabras clave: *diversidad, microbioma, meta genoma, plantas comestibles, quelites, probióticos*

Introducción. Los quelites o las mal llamadas “malezas” son un elemento importante de regulación ecológica en las milpas de Mesoamérica y del mundo de las cuales se reconoce su valor único. Las comunidades campesinas de México aprovechan más de 500 especies de plantas comestibles. Entre estos se encuentran los quelites (más de 350 especies), que se definen como plantas cuyas hojas, tallos y flores se consumen tiernos. Los cuales han sido seleccionados por las tradiciones locales de los distintos pueblos y regiones. Poco se ha estudiado del microbioma de estas plantas y cómo este regula la presencia de microorganismos patógenos, como bio control y las reservas de agua, entre otras cosas.

El microbioma de las plantas comestibles y su diversidad puede ser importante para los humanos como un contribuyente adicional a la diversidad de nuestro microbioma intestinal, y como estímulo para el sistema inmunológico humano.

Cuadro 1. Generalidades de los quelites

No. De especies	250	Estados de mayor presencia
No. De géneros	117	Puebla, Chiapas, Hidalgo,
No. De Familias botánicas	46	Morelos, Veracruz, Oaxaca y la Ciudad de México

Planteamiento del problema. El conocimiento ancestral reconoce a muchas de las plantas silvestres como un alimento, pero poco se ha estudiado sobre el microbioma de estas plantas, su diversidad y caracterización, o sobre el efecto a la salud del consumidor al ingerirse bajo nula o escasa cocción.

Justificación. Debido a la falta de información sobre la diversidad microbiana presente en plantas silvestres comestibles y a que estas son consumidas desde hace muchos años y aún en la actualidad por el humano, se pretende un trabajo minucioso sobre la carga y diversidad de microorganismos presentes en las plantas de quelites que genere conocimiento, de la influencia de estos microorganismos en el crecimiento, desarrollo y competencia en campo así como el estudio de posibles aplicaciones de nuevas especies o especies ya conocidas en temas de salud.

Objetivo general. Evaluar la diversidad del microbioma cultivable y no cultivable de especies de quelites.

Objetivos particulares.

1. Caracterizar el microbioma no cultivable (meta genoma) de los quelites.
2. Caracterizar el microbioma cultivable de los quelites.
3. Tipificar la abundancia de levaduras de los quelites.
4. Evaluar el uso potencial de las levaduras aisladas como agente de bio control y como probióticos.

Estrategia metodológica.

En este trabajo se realizará el estudio del microbioma y meta genoma de quelites los cuales serán tomados de campos de cultivo principalmente de agave y maíz. Se utilizarán técnicas de identificación y pruebas para evaluar el potencial de las cepas para diversas funciones, como competencia de patógenos y de producción de metabolitos.

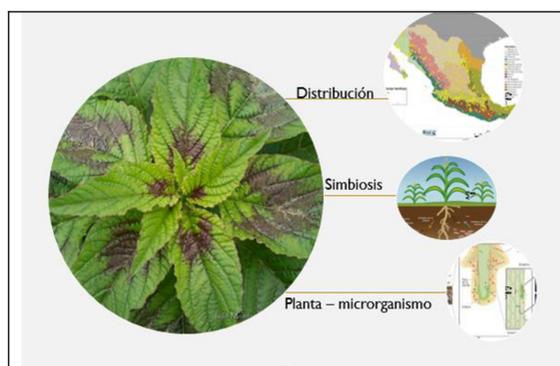


Figura 1. Interacción de los quelites con el medio

Resultados esperados.

1. Identificar genéticamente cepas seleccionadas
2. Evaluar el potencial de aplicaciones de diversidad cultivable
3. Encontrar posibles aplicaciones de las cepas en agricultura y medicina.
4. Identificar posibles aplicaciones en alimentación animal y humana.

Referencias.

1. Zmora, N., Suez, J. & Elinav, E. You are what you eat: Diet, health and the gut microbiota. *Nat. Rev. Gastroenterol. Hepatol.* 16, 35–56 (2019).
2. Rodríguez, R. J. et al. Stress tolerance in plants via habitat-adapted symbiosis. *ISME J* 2, 404–416 (2008).
3. Van der Lelie, D. et al. Poplar and its Bacterial Endophytes: Coexistence and Harmony. *Critical Reviews in Plant Sciences* 28, 346–358 (2009).
4. Fuentes, D. C. L. y Romero, C. E. Una visión del problema de las malezas en Colombia. *Agronomía Colombiana*, vol. 8, no. 2, 1991, pp. 364-378, ISSN 2357-3732



ANÁLISIS FUNCIONAL DE GENES DE PARED CELULAR REGULADOS POR MICORRIZACIÓN ARBUSCULAR EN HOJAS DE TOMATE

Yolani De Jesús Bojórquez Armenta, Luis Gerardo Sarmiento López, Melina López Meyer *, María José Pozo Jiménez, Susana Karen Gómez, Ignacio Eduardo Maldonado Mendoza.

mlopez@ipn.mx
CIIDIR Sinaloa

Palabras clave: *Endoglucanasa, Análisis genome-wide, Expresión génica, Pared celular, Micorriza arbuscular.*

Introducción. En la interacción planta-microorganismo, se considera a la pared celular (PC) como la primera línea de defensa contra el ataque de algún patógeno, por lo cual puede estar involucrada en los mecanismos de precondicionamiento y defensa inducidos por micorrización. La degradación de PC se logra mediante la acción sinérgica de diversas hidrolasas como las endoglucanasas (EG). Hasta el momento, la relación de las EGs, el establecimiento de la simbiosis y los mecanismos de protección sistémica contra fitopatógenos en plantas de tomate no ha sido evaluada. Por lo tanto, es de nuestro interés determinar el efecto del silenciamiento y la sobreexpresión de genes de la familia de las EGs expresados diferencialmente por micorrización arbuscular en hojas de tomate, en el pre-acondicionamiento y defensa contra *S. sclerotiorum*.

Metodología. Una nueva identificación y caracterización de la familia de genes EG (*SIGH9s*) en tomate se realizó con en el genoma de tomate (SL5.0) utilizando Phytozome, NCBI, ENZIME, Plant-mLoc, PlantCare, MEME, TBtools, entre otras herramientas. En base a los mecanismos reguladores en las respuestas bióticas y abióticas y datos transcriptómicos de referencia, en un análisis previo (genoma SL4.0) de este proyecto se seleccionaron genes como candidatos para análisis funcionales. La confirmación de la expresión diferencial de los genes se midió por RT-qPCR con muestras de cDNA de hoja y raíz en condición no-colonizado (NM), colonizado por *R. irregularis* (M), no-colonizado infectado (NI) y colonizado e infectado por *S. sclerotiorum* (MI). Por otra parte, con las actualizaciones del genoma, nuevos genes serán examinados como futuros candidatos. Para el análisis funcional de genes, las construcciones de silenciamiento se realizaron con la técnica de recombinación Gateway a la par de la estandarización de un protocolo de transformación y regeneración de tejidos mediante cultivo *in vitro*.

Resultados y discusión. Se identificaron y caracterizaron 28 miembros nombrados como *SIGH9-1* a *SIGH9-28* con actividad y dominio GH9 y CBM49. En comparación con estos resultados, los reportes más recientes de familia de genes EG agrupan 24 y 20 miembros en tomate (2, 3). La predicción de la locación subcelular indicó que las proteínas *SIGH9* se encuentran en membrana plasmática y pared celular. Se identificó el motivo característico DAGD, que es responsable de su actividad catalítica. Se reveló que los promotores de las secuencias *SIGH9* tienen variedad de elementos reguladores, incluida la regulación hormonal, el desarrollo celular y elementos relacionados con el estrés biótico y abiótico, importantes en el establecimiento de la simbiosis y defensa en plantas. Se observó que los *SIGH9* tienen inducción de expresión *in silico* en diversos tejidos de plantas de tomate (semillas, raíces, brotes, hojas y flores). Se observó expresión diferencial de *SIGH9-2*

en raíces y de *SIGH9-17* en hojas en respuesta a la simbiosis (M) en comparación con las de las plantas no colonizadas (NM). Con relación a la infección, *SIGH9-17* se induce en condición M, pero su expresión baja cuando hay presencia del patógeno (NI). Avances experimentales del análisis funcional se han llevado a cabo con la generación de construcciones de silenciamiento de los genes *SIGH9-2* y *SIGH9-17*.

Conclusiones y perspectivas. En este estudio, se caracterizaron 28 genes EG en tomate. Análisis de función molecular y predicción de actividad confirmaron la participación de las EG de tomate en la organización y degradación de la pared celular. Los *SIGH9* tienen funciones en el desarrollo celular y respuestas de defensa y estrés. Los *SIGH9* tienen patrones de expresión específicos durante el desarrollo del tomate y algunos miembros se expresan diferencialmente en las hojas y raíces del tomate en respuesta a la simbiosis AM. Hasta el momento, nuestro trabajo sería el primero en caracterizar los genes EG de manera global con la nueva versión del genoma (SL5.0) y brindar una perspectiva de su regulación en el establecimiento de la simbiosis micorrizica arbuscular y su relación con la protección sistema contra fitopatógenos mediante la modulación de su expresión en un análisis funcional, proporcionando información para futuras investigaciones sobre el papel molecular de los *SIGH9*.

Agradecimientos. Gracias a CONAHCYT y al Instituto Politécnico Nacional.

Referencias.

1. Cervantes-Gómez, R; Bueno-Ibarra, M; Cruz-Mendivil, A; Calderón-Vázquez, C; Ramírez-Douriet, C; Maldonado-Mendoza, I; Viialobos-López, M; Valdéz-Ortiz, A; López-Meyer, M. (2016). Arbuscular Mycorrhizal Symbiosis-Induced Expression Changes in *Solanum lycopersicum* Leaves Revealed by RNA-seq Analysis. *Plant Mol. Biol. Rep.* 34(1): 89-102.
2. Luo, G., Huang, X., Chen, J., Luo, J., Liu, Y., Tang, Y., Xiong, M., Lu, Y., Huang, Y., & Ouyang, B. (2022). Systematic Analysis of the Grafting-Related Glucanase-Encoding GH9 Family Genes in Pepper, Tomato and Tobacco. *Plants*. 11(16): 2092.
3. Hao-wei LIN, Zhen WU, Rong ZHOU, Bin CHEN, Zhao-jiang ZHONG, Fang-ling JIANG (2023). *SIGH9-15* regulates tomato fruit cracking with hormonal and abiotic stress responsiveness cis-elements. *J. Integr. Agric.* 22(2): 447-463.



IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE FACTORES TRANSCRIPCIONALES INTEGRANTES DEL SISTEMA DE SEÑALIZACIÓN DE LA RESPUESTA MEDIADA POR ABA Y/O ESTRÉS ABIÓTICO EN EL MUSGO *Pseudocrossidium replicatum*

Rosa María Nava-Nolazco, Selma Rios-Melendez, Santiago V. Galván-Gordillo, Angélica C. Martínez-Navarro, Mishael Sánchez-Pérez, Ignacio Maldonado Mendoza, Anailia Arroyo-Becerra, Miguel Angel Villalobos-López*.

*Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, IPN, México Ex-Hacienda San Juan Molino, Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5 CP. 90700 Tlaxcala, México 2223244768 mvillalobos@ipn.mx
CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: Briófitas, estrés abiótico, factores transcripcionales, genes de referencia, *Pseudocrossidium replicatum*

Introducción. El estrés abiótico es la principal causa de pérdida de cultivos en el mundo¹. Los factores transcripcionales (FTs) desempeñan un papel crucial en la regulación de la respuesta al estrés en las plantas². El musgo *Pseudocrossidium replicatum* es una briofita altamente tolerante a diferentes tipos de estrés abiótico³. El objetivo de este trabajo es identificar factores transcripcionales involucrados en la regulación de la respuesta a estrés abiótico en este musgo, los cuales podrán ser utilizados en futuros programas de mejoramiento vegetal. Sin embargo, al ser un modelo relativamente nuevo en musgos, nuestro grupo se enfrenta a la necesidad de generar información y herramientas para el estudio de esta especie. Por ejemplo, para estudios de expresión por RT-qPCR se requiere contar con genes de referencia. Basandonos en datos de 21 transcriptomas bajo diferentes condiciones de estrés abiótico, aquí proponemos el uso de 7 genes de referencia para *P. replicatum*.

Metodología. Se identificaron DEGs (Differentially Expressed Genes) usando 3 herramientas: edgeR, lima y DESeq2. La identificación de candidatos para genes de referencia se realizó utilizando BestKeeper y geNorm. El análisis se realizó utilizando el paquete de R "ctrlGene". Se diseñaron oligos utilizando Oligo Architect, para usarse en ensayos de RT-qPCR.

Resultados y discusión. Se encontraron varias familias de FTs expresados en las diferentes condiciones (Fig. 1), siendo la familia AP2/ERF la más abundante, además de presentar miembros en todos los tipos de estrés. Esta observación es similar a lo reportado para el musgo *Physcomitrium patens*, en donde encontraron a esta familia como la segunda más abundante en respuesta a estrés abiótico (Reboledo et al., 2022).

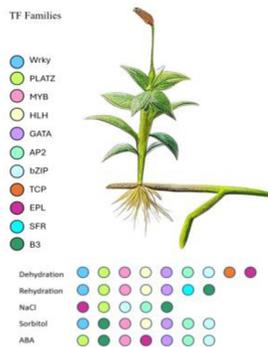


Figura 1. Familias de FTs identificados en los diferentes tipos de estrés en el musgo *P. replicatum*.

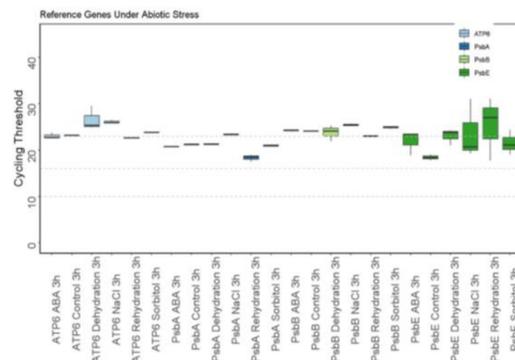


Figura 2. Distribución de los valores del ciclo de cuantificación (Cq) de los genes de referencia candidatos para el musgo *P. replicatum*.

Nuestros análisis demostraron que los genes de referencia propuestos fueron más estables que los tradicionalmente usados en varias de las condiciones de estrés, sobresaliendo el comportamiento de los genes *PsbA*, *PsbB* y *ATP6*.

Conclusiones y perspectivas. Los genes *PsbA*, *PsbB*, *Rps1*, *ClpP*, *Atp6*, *PetB*, *Rbcs*, *PsbE* y *HSP70* son buenos candidatos para ser usados como genes de referencia en estudios de RT-qPCR. Por otro lado, la familia de FTs AP2/ERF es la más abundante en *P. replicatum* y se expresa diferencialmente en diferentes tipos de estrés, por lo que la sobreexpresión de uno de estos FTs pueden ser una herramienta biotecnológica que otorgue tolerancia al estrés abiótico en plantas transgénicas.

Agradecimientos. MAVL agradece a CONACYT Ciencia Básica A1-S.35357. SRM, AAB y MAVL, agradecen al apoyo SIP-IPN (20230516, 20232620, y 20231853, respectivamente), y al apoyo COFFA-IPN. RMNN, agradece al CONAHCYT y al apoyo BEIFI-IPN.

Referencias.

- Zhang Y, Xu J, Li R, Ge Y, Li Y, Li R. Plants' Response to Abiotic Stress: Mechanisms and Strategies. *Int J Mol Sci.* 2023 Jun 30;24(13):10915
- Villalobos-López, M.A.; Arroyo-Becerra, A.; Quintero-Jiménez, A.; Iturriaga, G. Biotechnological Advances to Improve Abiotic Stress Tolerance in Crops. *Int. J. Mol. Sci.* 2022, 23, 12053
- Rios-Meléndez, S., et al., (2021). *Pseudocrossidium replicatum* (Taylor) R.H. Zander is a fully desiccation-tolerant moss that expresses an inducible molecular mechanism in response to severe abiotic stress. *Plant Mol Biol* 107(4–5), 387–404.



CARACTERIZACIÓN GENÓMICA Y TRASCRIPCIÓN DE GENES MADS INVOLUCRADOS EN LA FLORACIÓN DE *Jatropha curcas*.

Adriana Sánchez- Gutiérrez, Miguel Salvador-Figueroa, José Alberto Narváez-Zapata*

*jnarvaez@ipn.mx.

CBG Reynosa

Palabras clave: diferenciación floral, Euphorbiaceae, monoicas, ginoicas.

Introducción. La proporción de flores femeninas: flores masculinas en las accesiones de *Jatropha curcas* ronda entre 1: 25 a 1:30, lo que limita la producción de semillas (1). En las fanerógamas los genes MADS están implicados en la transición floral como y en la diferenciación de los órganos sexuales (2). Además del fenotipo monoico, en *J. curcas* se encuentran las dioicas (3), las cuales son útiles para entender los mecanismos de regulación involucrados en el florecimiento. El objetivo del trabajo fue caracterizar genes de la familia MADS involucrados en el desarrollo floral de *J. curcas* monoica y ginoica.

Metodología. Para el análisis de genes MADS se utilizaron, de referencia, 27 genes previamente identificados en *Hevea brasiliensis* (2). Se realizaron alineamientos de las secuencias de aminoácidos de los HbMADS contra la base de datos del genoma RJC1_Hi-C GenBank assembly [GCA_014843425.1] en tBLASTn. Se analizó la estructura de los genes con el Software GSDS 2.0. Se buscaron motivos y dominios con el software MEME y NCBI-CDS. Se construyó un UPGMA se construyó con 1000 réplicas y un árbol filogenético utilizando MEGA 11.0.10. Para el análisis transcriptómico se utilizó una accesión monoica y una ginoica. La extracción del ARN total fue realizada en brotes indiferenciados (0-2 d) y flores en etapa 2 de desarrollo (5-7 d) masculinas, femeninas y masculinas con perianto similar al femenino.

Resultados y discusión. Se encontraron 27 genes caja MADS no redundantes de *J. curcas*. Se observaron dos dominios conservados característicos de la familia MADS (2). El UPGMA mostró que en el grupo I y III se agruparon proteínas MADS II de tipo MIKC^c y MIKC* respectivamente, y en el grupo II se ubicaron las MADS tipo I. Este mismo patrón se observó en el análisis filogenético. Las proteínas del grupo II presentaron la menor cantidad de exones e intrones (Fig 1). Se encontró que genes represores florales FLC y SVP se expresan mayormente en brotes indiferenciados. Genes de clase B (MADS9, TM6, MADS4, AP3) se expresan en flores masculinas y masculinas de perianto femenino. Los genes de clase D, AGL6, 11 y 61 relacionados con el desarrollo del óvulo, se expresaron en la planta ginoica (Fig 2).

Conclusiones y perspectivas. El análisis transcriptómico reveló que represores florales FLC y SVP se expresan principalmente en brotes indiferenciados como se esperaba, mientras genes de clase B asociados con el desarrollo de estambres, se expresan mayormente en flores masculinas y genes de clase D en flores femeninas

Agradecimientos. Al Instituto de Biociencias-UNACH, por el material biológico y apoyo brindado para la realización de este trabajo.

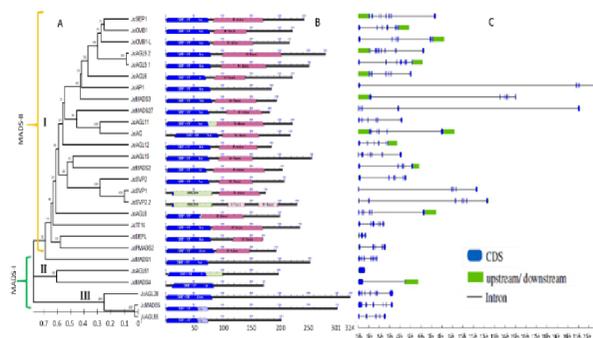


Figura 1. Caracterización in silico de genes de caja MADS de *J. curcas*. (A) Análisis UPGMA. (B) Ubicación de dominios. (C) Estructura de los genes.

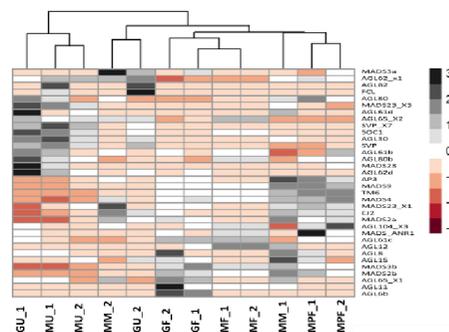


Figura 1. Heatmap de MADS diferencialmente expresados en *Jatropha curcas* monoica y ginoica. ($Lfc \geq 1.5$, $FDR \leq 0.01$). GU: ginoica brote indiferenciado. GF: ginoica flor femenina. MU: monoica brote indiferenciado. MF: monoica flor femenina. MM: monoica flor masculina. MPF: monoica flor masculina de perianto femenino.

Referencias.

- Kumar A, Sharma S. 2008. An evaluation of multipurpose oil seed crop for industrial uses (*Jatropha curcas* L.): A review. *Industrial Crops and Products*. 28(1): 1–10.
- Wei M, Wang Y, Pan R, Li W. 2018. Genome-wide identification and characterization of MADS-box family genes related to floral organ development and stress resistance in *Hevea brasiliensis* Müll. Arg. *Forests*. 9(6): 1–16.
- Adriano-Anaya ML, Pérez-Castillo E, Salvador-Figueroa M, Ruiz-González S, Vázquez-Ovando A, Grajales-Conesa J, Ovando-Medina I. 2016. Sex expression and floral diversity in *Jatropha curcas*: A population study in its center of origin. *PeerJ*. 2016(24).



ELUCIDACIÓN DE LA MODULACIÓN GÉNICA DE PPRS EN PLANTAS DE INTERÉS AGRÍCOLA POR UN MICRORNA ESPECÍFICO DE AMARANTO

Vladimir Flores Benavides, Flor de Fátima Rosas Cárdenas *, Ricardo Aaron Chávez Chávez Montes

frosasc@ipnl.mx

CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: Proteínas PPR, estrés, Amaranto, biogénesis, mitocondrias, cloroplastos.

Introducción. Las proteínas PPR (Pentatricopeptide repeat), son responsables del reconocimiento e interacción con el RNA por motivos de tipo P, con afinidad específica denominada código PPR, involucrados en la biogénesis de mitocondrias y cloroplastos (3). Mutantes de proteínas PPR presentan defectos fotosintéticos, cambios en pigmentación, crecimiento restringido, defectos en semilla o embrión, hipersensibilidad a ABA, tolerancia a inhibidores de vías biosintéticas y restauración de la fertilidad del polen (1). Se reportó en *Amaranthus hypochondriacus* un miRNA específico con expresión abundante, el cual tiene por genes blanco diversos miembros de la familia PPR (2). Por ello, el objetivo del trabajo es demostrar el efecto de la sobreexpresión de Ahyp-miR0005 en el fenotipo, la tolerancia y aclimatación de plantas.

Metodología. Se realizó la predicción de los genes blancos por psRNATarget, la interacción genética por Genemania e interacción proteómica en String, lo que permitió la selección de los candidatos para validación molecular y la identificación de genes ortólogos en MEGA11; también se predijo la estructura secundaria más estable de Ahyp-miR0005, posteriormente se amplificó el Ahyp_pre-miR0005 por PCR convencional y se introdujo en un vector de expresión por el método Gateway. Se transformará con la construcción del pB7WG2D + Ahyp-miR0005 por floral-dip en plantas de Arabidopsis y Amaranto, y por callogénesis en Tabaco para la generación de líneas transgénicas, validando por PCR convencional. Las líneas serán validadas molecularmente y realizando el análisis fenotípico.

Resultados y discusión. Se identificaron 9 genes ortólogos, en 4 especies con un dendograma por el modelo Neighbor-joining, y se sintetizaron primers específicos para ellos. Por medio de una red de interacción de los genes blanco algunos genes PPR se asociaron con 3 familias (BASS, IPTK y SIG), responsables del ácido monocarboxílico, alcohol y respuesta a estímulos ambientales, respectivamente. Se seleccionaron 15 de los 60 genes blancos predichos del miRNA y se generó una red entre estos y las proteínas cuya interacción ya se encuentra reportada. Se encontraron proteínas de funciones variadas, entre las que destacan el procesamiento de mRNA para biogénesis de Mitocondrias y cloroplastos (Miembros PPRs, *NMAT1*, *NMAT2* y *NMAT4*), respuestas a ácido abscísico (*ABI4*, *SLAC1*, *ABO5* y *ABO6*), movimiento estomatal (*ALMT12*, *KAT2* y *CHX20*), respuesta a estrés salino (*PDLP6*, *PDLP7* y *PDLP8*), actividad en la transferencia de electrones (*nad1*, *nad2*, *nad4*, *nad6*, *ndhA* y *PGR3*), morfogénesis de hojas-flores (*GUN1*, *MORF1*, *MORF2*, *EMB2453*, *EMB2745*, *AP1* y *SPL15*), restauradores de la fertilidad (*RFL2*) y biogénesis de protoporfirinas (*CHLH* y *GUN4*) y sugiere la participación del miRNA en condiciones de estrés abiótico.

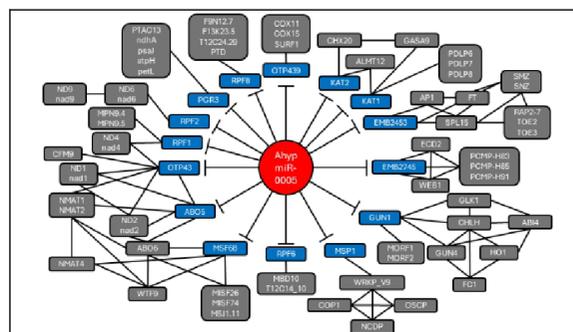


Figura 1. Diagrama modulación genética e interacción de Ahyp-miR0005 (Rojo), genes blancos (Azul) y proteínas asociadas (Gris).

Se ha establecido el protocolo de transformación de callos de tabaco y se ha transformado Arabidopsis y Amaranto con la construcción pB7WG2D + Ahyp-miR0005, por lo que se ha iniciado la validación molecular y análisis fenotípico. Así mismo, se han obtenido tejidos en diferentes condiciones de estrés para conocer la respuesta de miR0005 y sus genes blancos.

Conclusiones y perspectivas. El diagrama de modulación genética establecido a partir de los genes blanco ortólogos sugiere la regulación indirecta de Ahyp-miR0005 de proteínas que participan en calor, frío y salinidad, mediados por la coordinación de la expresión de genes organulares (OGE) y genes nucleares (NGE). Las líneas sobreexpresoras demostrarán el perfil de expresión del miRNA y blancos en estas condiciones y permitirá inferir el alcance que tiene la modulación de la biogénesis de mitocondrias y cloroplastos ante estos eventos.

Agradecimientos. Agradecemos a BEIFI, al proyecto SIP-IPN 20240525 y CONACYT por el apoyo económico para llevar a cabo esta investigación.

Referencias.

1. Binder, S; Hölzle, A; & Jonietz, C. (2011). RNA Processing and RNA Stability in Plant Mitochondria. *In Plant Mitochondria*. 3 (107–130).
2. Martínez, M; Ruíz, M; Gregorio, J; Hernández, P; Luna S; Folter, S; Chávez, R & Rosas, FF (2021). Identification of genuine and novel miRNAs in *Amaranthus hypochondriacus* from high-throughput sequencing data. *Genomics*. 113 (88-103).
3. Williams, R; Kroeger, T; & Barkan, A. (2008). Sequence-specific binding of a chloroplast pentatricopeptide repeat protein to its native group II intron ligand. *RNA Society*, 14 (1930–1941).



ANÁLISIS DE LA COMPOSICIÓN QUÍMICA DEL VENENO DE HORMIGA (HYMENOPTERA: FORMICIDAE) EN EL ESTADO DE DURANGO, MÉXICO

Silvia Areli Aguirre de la Serna, Miguel Ángel Soto Cárdenas, José Bernardo Proal Nájera, René Torres Ricario, Isaías Chairez Hernández*
ichairez@hotmail.com
CIIDIR Durango

Palabras clave: *Pogonomyrmex rugosus*, veneno, metabolómica

Introducción. Las hormigas son los animales terrestres más abundantes que poseen veneno. De *Pogonomyrmex badius* su veneno es altamente tóxico en ratones, en el caso de *Pogonomyrmex rugosus* es muy poca la información que existe sobre su veneno y por picadura genera alrededor de 130 µg de veneno (1). Del análisis del veneno de hormigas se han encontrado compuestos para el desarrollo de fármacos (2), sin embargo, una limitante para estas investigaciones es el poco rendimiento de veneno por individuo, lo que se ha compensado con el desarrollo de las ciencias "ómicas", como la metabolómica (3). Por lo tanto, en este trabajo se tiene como objetivo analizar la composición química de *P. rugosus* del estado de Durango, para determinar que compuestos químicos contiene, y si alguno de ellos tiene potencial para futuras aplicaciones biotecnológicas.

Metodología. Se realizó una recolecta directa de ejemplares de *P. rugosus* provenientes de tres sitios dentro del estado de Durango, para posteriormente realizar su disección y obtener la glándula de veneno, 80 glándulas por muestra de veneno. Una vez obtenidas las muestras de veneno liofilizadas, se realizó un análisis metabolómico (LC-MS/MS) y los resultados fueron analizados mediante softwares de bioinformática para obtener el perfil metabolómico de cada muestra.

Resultados y discusión. Se obtuvo el perfil metabolómico de las tres muestras, expresado en clases químicas, con resultados distintos entre ellas. De la muestra 1 (Fig. 1), se obtuvieron 158 compuestos agrupados en 10 clases químicas. La muestra 2 (Fig. 2), con 316 compuestos dentro de 17 clases químicas. Por último, la muestra 3 (Fig. 3) presentó 215 compuestos pertenecientes a 8 clases químicas. Esta diferencia en la composición química, se puede deber a los distintos depredadores que tiene *P. rugosus* en los sitios de muestreo. De las clases químicas encontradas, algunas poseen actividad antifúngica (azoles), antiviral (diazinas), bactericida (quinolonas), herbicida (triazinas), entre otras.

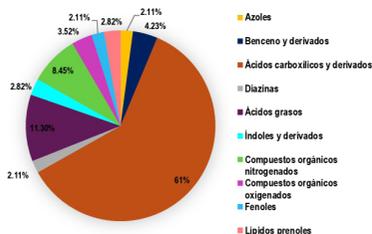


Figura 1. Clases químicas del veneno de *P. rugosus* del sitio 1

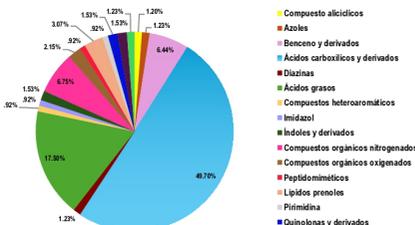


Figura 2. Clases química del veneno de *P. rugosus* del sitio 2

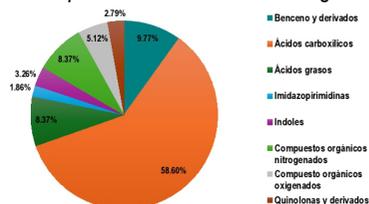


Figura 3. Clases química del veneno de *P. rugosus* del sitio 3

Conclusiones y perspectivas. Generar líneas de investigación con las clases químicas que poseen algún tipo de actividad (azoles, diazinas, quinolonas, trizinas), para en un futuro obtener aplicaciones biotecnológicas. Además, nos impulsa a continuar con el análisis de veneno de hormiga y conocer más sobre la variación intraespecífica de la composición química del veneno de *P. rugosus*.

Agradecimientos. A los colaboradores involucrados. Al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnología por la beca de posgrado otorgada. Y al Instituto Politécnico Nacional, por el apoyo obtenido gracias a los proyectos SIP 20230287 y SIP 20240878.

Referencias.

- Aili S. R., Touchard A., Escoubas P., Padula M. P., Orivel J., Dejean A., Nicholson G. M. 2014. Diversity of peptide toxins from stinging ant venoms. *Toxicon*. 92: 166-178
- Tani N., Kazuma K., Ohtsuka Y., Shigeri Y., Masuko K., Konno K., Inagaki H. 2019. Mass spectrometry analysis and biological characterization of the predatory ant *Odontomachus monticola* venom and venom sac components. *Toxins*. 11(1): 50
- Touchard A., Aili S. R., Téné N., Barassé V., Klopp C., Dejean A., Kini R. M., Mirinalini, Coquet L., Jouenne T., Lefranc B., Leprince J., Escoubas P., Nicholson G. M., Treilhou M., Bonaffé E. 2020. Venom peptide repertoire of the European myrmicine ant *Manica rubida*: identification of insecticidal toxins. *Journal of proteome research*. 19(4): 1800-1811



In vitro, *in silico*, AND *ex situ* ANALYSIS OF BACTERIA WITH POTENTIAL CAPACITY TO DEGRADE POLYCYCLIC AROMATIC HYDROCARBONS

Rut Mara Arteaga-Ojeda, Alma Delia Paz-González, Jiwei Zhang, Gildardo Rivera-Sánchez*

giriveras@ipn.mx

CBG Reynosa

Key words: Native bacteria, Bioremediation, PAHs

Introduction. Polycyclic aromatic hydrocarbons (PAH) are hydrophobic organic compounds with two or more aromatic rings. They are naturally present in the environment or can be generated anthropogenically. The US environmental protection agency catalog PAHs as priority pollutants due to their high toxicity, mutagenicity, and carcinogenicity (1). Due to the environmental and health concerns related to these compounds, several methods for PAH removal have been proposed. Physicochemical methods as photolysis, adsorption and chemical degradation are expensive. Therefore, bioremediation has been proposed as a low cost and sustainable solution. Bacterial degradation uses bacteria isolated from contaminated sources to degrade different PAHs. Naphthalene, phenanthrene and anthracene are among the most studied compounds by this approach. Naphthalene is the simplest PAH with only two aromatic rings, followed by phenanthrene with three. Finally, anthracene, which as the same molecular weight that phenanthrene, derivatives to other important pollutants, as anthraquinone an oxidized PAH. For this reason, in this study bacteria isolated from PAH contaminated soil across Tamaulipas will be evaluated to identify PAH degradation potential, in addition biostimulation and bioaugmentation strategies will be followed to enhance this degrading capacity. Finally, to gain a better understand of the biodegradation process genes related to PAH degradation pathway will be identified by molecular strategies.

Problem Statement. Further studies are still needed on the biodiversity of microorganisms with hydrocarbon-degrading potential in soil northern part of Mexico, especially in Tamaulipas. This is because other areas such as Tabasco, Yucatán, and primarily the Gulf of Mexico are prioritized (2).

Justification. Tamaulipas provides a critical area for studying local bacterial strains capable of PAH biodegradation due to the gas and oil industry present along the state. In addition, strategies like biostimulation, bioaugmentation and gene identification are needed to increase the bioavailability of PAHs, enhancing this degradative capacity (3).

General objective. Isolate, identify, and characterize bacteria from the Tamaulipas region with high potential degradative of polycyclic aromatic hydrocarbons.

Specific objectives.

1. Identify bacteria capable of degrading polycyclic aromatic hydrocarbons (naphthalene, phenanthrene, and anthraquinone)
2. Establish optimal bacterial growth conditions for the degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons (naphthalene, phenanthrene, and anthraquinone)
3. Establish a bacterial consortium for the degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons (naphthalene, phenanthrene, and anthraquinone)
4. Identify bacterial genes involved in the degradation pathways of polycyclic aromatic hydrocarbons (naphthalene, phenanthrene, and anthraquinone)

Experimental strategy.

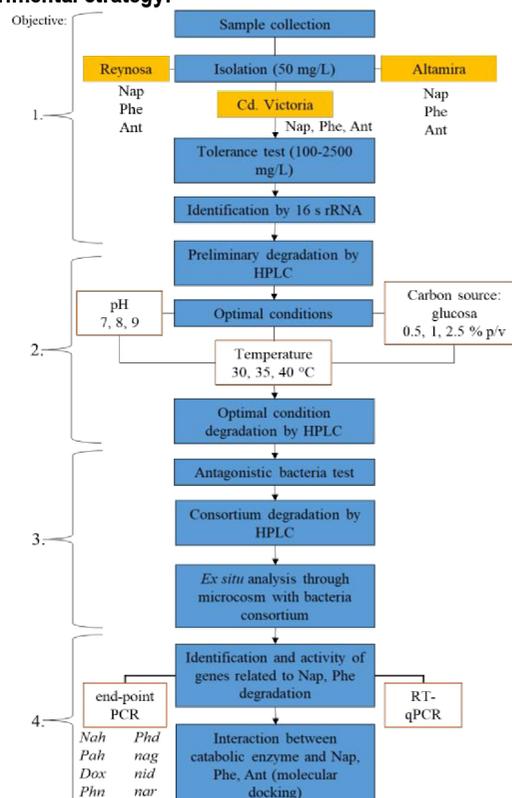


Figure 1. Flowchart of the experimental strategy for the study of bacteria isolates PAHs degradation.

Expected results. To identify bacteria with potential PAH degradation activity (especially, naphthalene, phenanthrene and anthraquinone) with their optimal degradation conditions. To generate bacterial consortium with synergetic degradation activity. To identify genes related to the PAH degradation pathways.

References.

1. Daâssi, D., & Qabil Almaghribi, F. (2022). Petroleum-contaminated soil: environmental occurrence and remediation strategies. *3 Biotech.* 12(6): 139.
2. Ramírez, D., Vega-Alvarado, L., Taboada, B., Estradas-Romero, A., & Soto, L. (2019). Bacterial diversity in surface sediments from the continental shelf and slope of the North West Gulf of Mexico and the presence of hydrocarbon degrading bacteria. *Mar. Pollut. Bull.* 150: 110590.
3. Sakshi, & Haritash, A. (2020). A comprehensive review of metabolic and genomic aspects of PAH-degradation. *Arch. Microbiol.* 202(8).



USO DE OLOTE DE MAÍZ PARA LA CO-PRODUCCIÓN DE BIOETANOL DE SEGUNDA GENERACIÓN (2G) Y XILITOL A PARTIR DE LEVADURAS Y ENZIMAS AUTÓCTONAS.

Rebeca Astorga Trejo, Claudia Castro Martínez*, María Guadalupe Aguilar Uscanga, Ignacio E. Maldonado Mendoza, Sergio Medina Godoy.

*correo electrónico: clcastro@ipn.mx.

Palabras clave: Bioetanol 2G, Xilitol, Biorrefinería, Hidrolizado, solvente eutéctico profundo

CIIDIR Sinaloa

Introducción. La conversión de biomasa lignocelulósica en bioetanol 2G incluye tres pasos principales: pretratamiento, hidrólisis enzimática y fermentación; aunque actualmente se aplican varias estrategias para la producción de biocombustibles a partir de biomasa lignocelulósica, la mayoría parece no ser económicamente viable principalmente debido a los altos costos de producción relacionados a los pretratamientos (1). Los solventes eutécticos profundos (DES) han emergido como una alternativa a los tratamientos convencionales por sus bajos costos, biodegradabilidad y excelente capacidad para solubilizar lignina (2), esto aunado a la coproducción de productos de alto valor como el xilitol permite maximizar la eficiencia económica del proceso (3). El objetivo de este trabajo es establecer las condiciones óptimas para la producción de etanol de segunda generación y xilitol a partir de olole de maíz.

Metodología. Los residuos de maíz fueron sometidos a una hidrólisis con ácido sulfúrico. Se optimizarán los parámetros fisicoquímicos en la producción de xilitol, seguido de una optimización del medio de cultivo y de la transferencia de oxígeno en la fermentación utilizando la fracción líquida de la hidrólisis y la levadura *C. tropicalis* BEO12. El residuo sólido de la hidrólisis será utilizado para la producción de etanol 2G. Se utilizarán dos sistemas con DES (ChCl:Glicerol y ChCl:Urea) para eliminar la lignina de la materia optimizando las condiciones de reacción; la materia libre de lignina se someterá a una hidrólisis enzimática utilizando celulasas autóctonas, de nuevo se llevará a cabo una optimización de las condiciones de reacción, por último, se optimizará la producción de etanol utilizando la levadura *Saccharomyces cerevisiae* ITV 01.

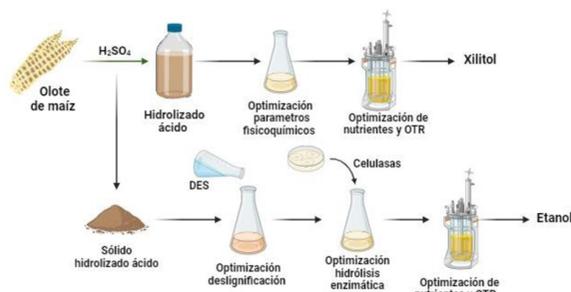


Figura 1. Estrategia experimental

Resultados y discusión. Se realizó una caracterización estructural de la biomasa utilizada, la cual mostró un contenido de 15.6% de lignina; se evaluó el efecto de la temperatura (80 °C a 120 °C) en la deslignificación utilizando solventes eutécticos profundos. Como se puede observar en la Figura 2, la remoción de lignina se vio favorecida por el aumento de temperatura en ambos sistemas DES hasta los 100 °C, al aumentar a 120 °C el sistema ChCl:Glicerol siguió la misma tendencia mientras que en el sistema ChCl:Urea se

observa una disminución en el porcentaje de remoción de lignina, estos resultados coinciden con los reportados por otros autores (4), quienes observaron un aumento en la remoción de lignina al aumentar las temperaturas hasta 115 °C. Se logró recuperar más del 80% de la biomasa en todos los tratamientos.

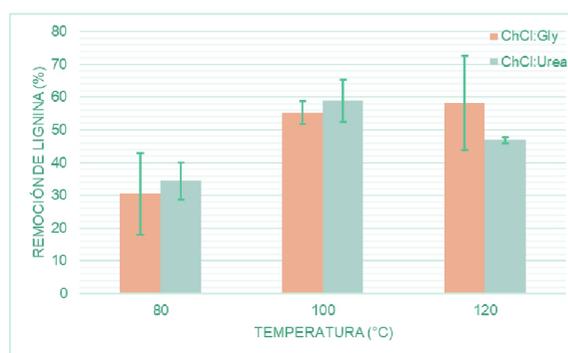


Figura 2. Efecto de la temperatura en la remoción de lignina utilizando solventes eutécticos profundos

Conclusiones y perspectivas. Se evaluó el efecto de la temperatura en la designificación de olole de maíz, los resultados obtenidos serán utilizados para evaluar el efecto del tiempo de reacción en el tratamiento y diseñar la optimización de dicho proceso, lo cual permitirá aumentar la disponibilidad de la celulosa en la etapa de hidrólisis enzimática.

Agradecimientos. Los autores agradecen al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías por la beca No. 763827 y al Instituto Politécnico Nacional por la beca de movilidad académica otorgadas a Rebeca Astorga Trejo.

Referencias.

- Awasthi, M. K., Sindhu, R., Sirohi, R., Kumar, V., Ahluwalia, V., Binod, P., Juneja, A., Kumar, D., Yan, B., Sarsaiya, S., Zhang, Z., Pandey, A., & Taherzadeh, M. J. (2022). Agricultural waste biorefinery development towards circular bioeconomy. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 158, 112122.
- Xu, H., Peng, J., Kong, Y., Liu, Y., Su, Z., Li, B., ... & Tian, W. (2020). Key process parameters for deep eutectic solvents pretreatment of lignocellulosic biomass materials: A review. *Bioresource technology*, 310, 123416.
- Li, Y., Sun, H., Zhang, Y., Wang, X., Gao, M., Sun, X., & Wang, Q. (2024). Research progress for co-production ethanol and biobased products. *Industrial Crops and Products*, 212, 118351.
- Procentese, A., Johnson, E., Orr, V., Campanile, A. G., Wood, J. A., Marzocchella, A., & Rehmann, L. (2015). Deep eutectic solvent pretreatment and subsequent saccharification of corn cob. *Bioresource technology*, 192, 31-36.



DESARROLLO DE ESTRATEGIAS PARA LA PRODUCCIÓN DE POLI-HIDROXI- β -BUTIRATO (PHB) A PARTIR DE *Bacillus thuringiensis*

Marco Tulio Romero Sanchez, Pavel Sierra Martínez, Valentin López Gayou, Jabel Dinorín Téllez Girón, Silvia Luna Suárez, Víctor Éric López y López*
CIBA-Tlaxcala
vlopezyl@ipn.mx

Palabras clave: *Bioprocesos, Biopolímeros, Polihidroxibutiratos, Bacillus thuringiensis*

Introducción. La contaminación ocasionada por los plásticos derivados de petróleo ha ido en aumento en los últimos años, se estima para el año 2050 se desecharán aproximadamente 12,000 millones de toneladas de residuos de plásticos no biodegradables (1, 2). Ante este problema es necesario buscar soluciones nuevas como la implementación de materiales biodegradables como como son polihidroxibutiratos (PHB). Estos biopolímeros tienen propiedades similares a los plásticos derivados de petróleo, además tienen aplicaciones en el área médica, empaquetado, alimentos y construcción. Sin embargo, su costo de su producción es de 3 a 5 veces más elevado comparada con la producción de plásticos convencionales, debido principalmente al costo de la materia prima y al proceso de downstream (2). El PHB puede ser sintetizado por diferentes bacterias cuando hay un desbalance nutricional como es el caso de *Bacillus thuringiensis* (Bt). En este proyecto se busca implementar nuevas estrategias de producción como la identificación de la mejor relación C:N y construcciones de plásmidos con funciones transcripcionales con proteína verde fluorescente (Gfp) con las regiones promotoras de *phar* sintasa Y *acetil-CoA* reductasa como una alternativa para la cuantificación del polímero en cepas de Bt con la finalidad de implementar estas bacterias como plataforma de producción favoreciendo la producción y aumentando los rendimientos.

Metodología. En el presente trabajo se evaluaron diferentes relaciones C:N 3, 7, 30 y 50 a nivel matraz empleando medio limpio para la producción de PHB y 4 cepas correspondientes a Bt que son 32A, 42A, 73B y 81C. A partir de los resultados anteriores se realizó un escalamiento a nivel reactor con un volumen de trabajo de 4 L. Finalizadas las cinéticas se llevó a cabo la purificación y caracterización del biopolímero mediante FTIR. De igual manera se realizaron construcciones de fusiones transcripcionales empleando Gfp con las regiones promotoras de la *phar* y la *acetil-CoA* reductasa como una alternativa para la cuantificación de PHB las cuales se evaluaron por espectroscopia de fluorescencia.

Resultados y discusión. Se realizó la evaluación de diferentes relaciones C:N a nivel matraz, en donde la 30 fue la que presentó una mayor acumulación de PHB en la cepa 81C que fue de 136 $\mu\text{g}/\text{ml}$. A partir de los resultados anteriores se realizó el escalamiento a nivel reactor tomando en consideración las siguientes condiciones: pH 7, 200 rpm, 30 °C, 1vvm y un volumen de trabajo de 4L. La cinética se realizó por 24 hr donde se obtuvo un incremento en la producción de PHB de 156 $\mu\text{g}/\text{ml}$ como se observa en la Figura 1.

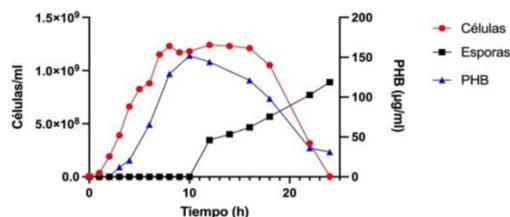


Figura 1. Fermentación a nivel reactor relación C:N 30

Para la evaluación de las fusiones transcripcionales se realizaron extracciones de DNA mediante kits para la amplificación de las regiones promotoras de interés de *phar* y *acetil-CoA* y mediante ensamble gibson poderlas unir con Gfp y así obtener células de Bt transformantes como se observa en la Figura 2.

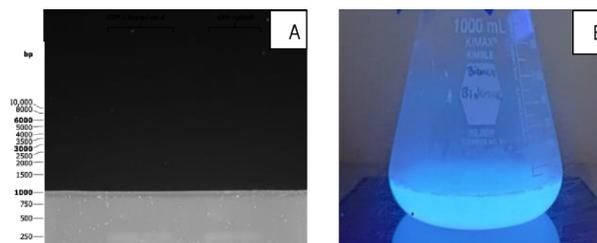


Figura 2. Construcción de cepas transformantes con fusiones transcripcionales. A) Ensamble gibson, B) Cepas transformantes Bt

Conclusiones y perspectivas.

Mediante la evaluación de diferentes relaciones C:N se encontró que relación 30 fue donde se llegó a acumular más PHB, por lo cual al realizar el escalamiento en reactor se pudo obtener un aumento en la producción del biopolímero. Se lograron obtener cepas transformantes Gfp+*Acetil-CoA* y Gfp+*phar* con las cuales se podrán estudiar diferentes condiciones y medios de cultivo mediante la presencia de fluorescencia, además de poder implementar un método de cuantificación alternativo para PHB.

Agradecimientos. Apoyo proporcionado de la convocatoria "Proyectos de Desarrollo Tecnológico o Innovación para alumnos del IPN" por el financiamiento para realizar esta investigación

Referencias.

- Geyer, R., Jambeck, J. R., & Law, K. L. (2017). Production, use, and fate of all plastics ever made. *Science Advances*, 3(7), 25–29. <https://doi.org/10.1126/sciadv.170078>
- Kourmentza, C., Plácido, J., Venetsaneas, N., Burniol-Figols, A., Varrone, C., Gavala, H. N., & Reis, M. A. M. (2017). Recent advances and challenges towards sustainable polyhydroxyalkanoate (PHA) production. *Bioengineering*, 4(2), 1–43. <https://doi.org/10.3390/bioengineering4020055>



VALORIZACIÓN DE RESIDUOS DE LA INDUSTRIA LÁCTEA PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOENERGÍA, ÁCIDOS ORGÁNICOS Y ENZIMAS BASADOS EN EL CONCEPTO DE BIORREFINERÍA

Itzel Guadalupe López Zamora, Claudia Castro Martínez*, Blanca Aguilar Uscanga, María Guadalupe Aguilar Uscanga, Melina López Meyer, Carlos Ligne Calderón Vázquez.

clcastro@ipn.mx
CIIDIR Sinaloa

Palabras clave: biorrefinería, industria láctea, biocombustibles, bioetanol 2G, lactasa

Introducción. Enfrentamos una crisis ambiental que afecta a todos los estratos de la sociedad. Cada actividad humana tiene un impacto ambiental cuya gravedad varía de acuerdo con la naturaleza del proceso. La bioeconomía busca encontrar un equilibrio en la producción de bienes de manera sustentable. Un ejemplo que se ha popularizado son las biorrefinerías que tienen por objetivo la producción integral de productos de valor agregado a partir de los residuos aumentando la sustentabilidad y rentabilidad del proceso. El principal residuo de la producción industrial de queso son las aguas residuales con una alta carga orgánica. Esta mezcla es conocida como suero de leche o lactosuero (LS) y se estima que al menos el 50% de los efluentes son vertidos sin ningún tipo de tratamiento (1). Por su composición el LS puede ser empleado como materia prima para la generación de productos de interés comercial como el bioetanol 2G, ácidos grasos volátiles (AGVs) y enzimas.

Cuadro 1. Antecedentes de producción de etanol a partir de LS.

No.	Residuo	Microorganismo	Producto
1	LS de queso Coalho	<i>Kluyveromyces</i> spp.	Lactasa y bioetanol
2	LS y mazorca de maíz	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Bioetanol

Planteamiento del problema. Tan solo en 2022 en México se produjeron 516,155 toneladas de queso (4). Esto produjo alrededor de 4,645,395 m³ de LS. El LS tiene una alta demanda química y bioquímica de oxígeno (COD y BOD, respectivamente) capaz de afectar el equilibrio del cuerpo de agua en el cual sea vertido.

Justificación. Dada la crisis ambiental actual, la valorización de residuos y la producción de biocombustibles son estrategias importantes para el bienestar ecológico y social. Este trabajo busca dar un tratamiento a un residuo no solo disminuyendo su impacto ambiental negativo sino generando un beneficio económico.

Objetivo general. El objetivo del proyecto es estandarizar, optimizar y proponer protocolos de producción de bioetanol de segunda generación (2G), enzimas y AGVs a partir de lactosuero.

Objetivos particulares. Para lograrlo planteamos los siguientes objetivos específicos: 1) Aislar levaduras capaces de producir bioetanol 2G a partir de lactosa como fuente de carbono, 2) Establecer un protocolo para la producción de lactasa y 3) Optimizar la producción de bioetanol 2G y evaluar la producción de AGVs a partir de LS y mezclas de LS y residuos lignocelulósicos (RL) empleando las cepas aisladas.

Estrategia metodológica. Se coleccionarán muestras de LS de Jalisco y Sinaloa. Se analizará el pH, DBO y DQO de las muestras. Posteriormente, mediante el sembrado en medio enriquecido se aislarán cepas de levadura empleando el LS. Se seleccionarán las

cepas capaces de crecer en lactosa como fuente de carbono y se evaluará su capacidad para producir etanol, AGVs y lactasa. La producción de bioetanol y AGVs se analizará mediante HPLC. Se seleccionarán e identificarán las cepas con mayor producción de los compuestos. Para optimizar la producción etílica se llevarán a cabo experimentos de acuerdo con el diseño Box-Behnken y la metodología de superficie de respuesta. Se optimizará la producción de etanol a partir de LS y de mezclas de RL y LS.

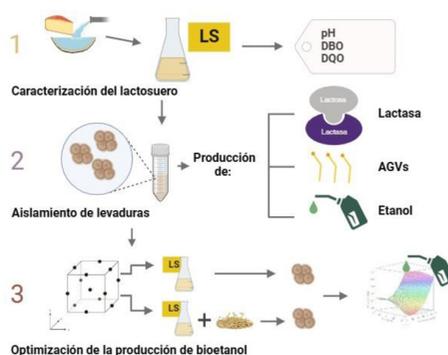


Figura 1. Estrategia experimental para la optimización de producción de etanol a partir de LS y mezclas de LS con RL.

Resultados esperados. Se aislarán cepas autóctonas capaces de producir etanol a partir de lactosa. Se establecerá un protocolo para la producción de lactasa a partir de LS. Se definirán las condiciones óptimas para obtener una mayor producción de etanol a partir de LS y de mezclas de LS y RL.

Referencias.

- Asunis, F., De Giannis, G., Dessi, P., Isipato, M., Lens, P. N. L., Muntoni, A., Poletti, A., Pomi, R., Rossi, A., & Spiga, D. 2020. The dairy biorefinery: Integrating treatment processes for cheese whey valorisation. *J. Environ. Eng. Manage.* Vol. (276), 925-934
- de Carvalho, C. T., de Oliveira Júnior, S. D., de Brito Lima, W. B., de Medeiros, F. G. M., de Sá Leitão, A. L. O., dos Santos, E. S., de Macedo, G. R., & de Sousa Júnior, F. C. (2020). Potential of "coalho" cheese whey as lactose source for β -galactosidase and ethanol co production by *Kluyveromyces* spp. yeasts. *Prep. Biochem. Biotechnol.* Vol. (50), 925-934.
- Cunha, J. T., Gomes, D. G., Romani, A., Inokuma, K., Hasunuma, T., Kondo, A., & Domingues, L. 2021. Cell surface engineering of *Saccharomyces cerevisiae* for simultaneous valorization of corn cob and cheese whey via ethanol production. *Energy Convers. Manage.* Vol (243). 114359
- Cámara Nacional de la Industria Lechera. (2022). Estadísticas del productor del Sector Lácteo 2011-2021.



EVALUACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE COMPUESTOS DE INTERÉS CON CULTIVO DE MICROALGAS A PARTIR DE MEDIOS NO CONVENCIONALES

Brenda Yanin Azcárraga-Salinas, María Myrna Solís-Oba*, Luis Carlos Fernández-Linares, Javier Ruiz-Romero, Juan Luis Soto-García, José Agustín Pacheco-Ortiz.

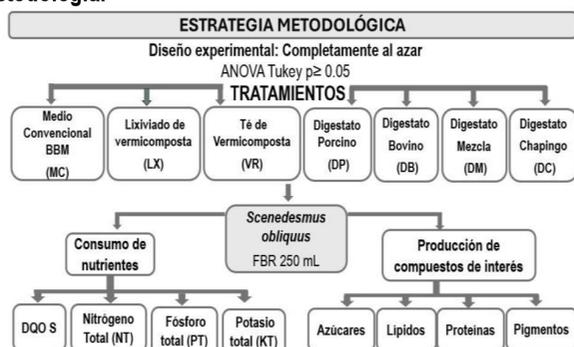
*msolis@ipn.mx.
CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: *Scenedesmus obliquus*, digestatos, lixiviado, vermicomposta, compuestos.

Introducción. La contaminación atmosférica por CO₂ y metano son generados principalmente por la emisión de gases provenientes de los combustibles fósiles (1) y por la acumulación de estiércoles a cielo abierto. Por otro lado, diversos productos se obtienen a través de procesos petroquímicos, que generan gases de efecto invernadero y una baja en las reservas de petróleo, por lo que dichos procesos van siendo menos costeados. El uso de microalgas es una alternativa sustentable para la obtención de productos de interés industrial, sin embargo, la cantidad de nutrientes en los medios de cultivo requeridos para su crecimiento incrementa los costos de producción (2). Una fuente de nutrientes que ha sido poco explotada y estudiada son los digestatos, de los cuales se ha reportado su uso eficiente como fertilizante por su contenido de macro y micronutrientes, así como fitoreguladores.

El objetivo del presente trabajo fue evaluar el uso de medios de cultivo no convencionales (digestatos porcino, bovino y mezcla, lixiviado de vermicomposta y té de vermicomposta) para la producción de carbohidratos, proteínas, lípidos y pigmentos en *Scenedesmus obliquus*, comparado con el medio convencional Bold Basal Modificado.

Metodología.



Resultados y discusión. El análisis de la composición bioquímica microalgal de *Scenedesmus obliquus* cultivada en diferentes medios de cultivo, muestra que todos los medios no convencionales (LX, VR, DP, DB, DM y DC) tuvieron un mayor crecimiento y mayor producción de compuestos de interés, comparado con el medio convencional Bold Basal Modificado encontrándose mayoritariamente carbohidratos, posteriormente lípidos, seguidos de proteínas y finalmente pigmentos.

Respecto a la producción de carbohidratos, se observó una producción de dos a tres veces más en los no convencionales LX, VR, DP, DB, DM y DC, respecto al medio convencional $p < 0.001$.

La producción de proteínas fue mayor con los tratamientos DC, DB y DM que en el medio convencional y similar con el tratamiento DP, sin embargo, la producción de proteínas en los tratamientos LX y VR fueron menores respecto al tratamiento MC $p < 0.001$.

La producción de lípidos fue mayor en el tratamiento DB, mientras que los demás medios no convencionales fueron similares al MC $p < 0.05$. En pigmentos totales los tratamientos MC, DP y DM tuvieron mayor producción $p < 0.001$ (Figura 1).

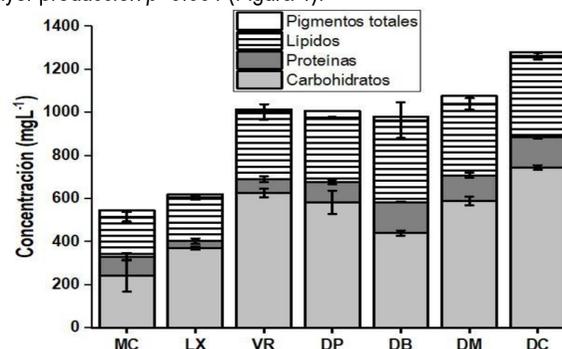


Figura 1. Producción de carbohidratos, proteínas, lípidos y pigmentos totales por *Scenedesmus obliquus* en diferentes medios de cultivo: Medio convencional Bold Basal Modificado (MC), Lixiviado de vermicomposta (VR), Digestato Porcino (DP), Digestato Bovino (DB), Digestato mezcla (DM) y Digestato de Chapingo (DC).

Conclusiones y perspectivas. El trabajo realizado muestra que los seis medios no convencionales evaluados pueden ser utilizados para el cultivo de *Scenedesmus obliquus* y producir una mayor cantidad de compuestos de interés industrial, lo cual es una muy importante alternativa para reducir el impacto ambiental que generan los procesos petroquímicos. Por otro lado, los medios de cultivo no convencionales empleados, al ser medios de cultivo orgánicos, son una muy buena alternativa para disminuir costos de producción.

Agradecimientos. A la Secretaría de Investigación y posgrado y al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología beca 1003544.

Referencias.

- Cheali, P., Vivion, A., Gernaey, K. v., & Sin, G. (2015). Optimal Design of Algae Biorefinery Processing Networks for the production of Protein, Ethanol and Biodiesel. *Comput.-Aided Chem. Eng.* (Vol. 37, pp. 1151–1156). Elsevier B.V.
- Tejeda-Benitez, L., Henao-Argumedo, D., Alvear-Alayón, M., & Castillo-Saldarriaga, C. R. (2015). Caracterización y perfil lipídico de aceites de microalgas Caracterização e perfil lipídico de azeites de microalgas. *Revista Facultad de Ingeniería (Fac. Ing.)*, Mayo-Agosto, 24(39), 43–54.



EVALUACIÓN DE LA BIOSORCIÓN DE CONTAMINANTES EMERGENTES EN AGUA: FÁRMACOS

Karen Nallely Rodríguez Gamiz, José Antonio Ávila Reyes*, Laura Silvia González Valdez.

jaavre@yahoo.mx

CIIDIR Durango

Palabras clave: biosorción, carbón activado, contaminantes emergentes, residuos agroforestales, hormonas.

Introducción. El avance científico y tecnológico en las áreas de la salud, de la producción agropecuaria y el crecimiento acelerado de la población han provocado la presencia de contaminantes nuevos, llamados contaminantes emergentes. Los contaminantes emergentes detectados más frecuentemente en aguas superficiales son los fármacos, y dentro de este grupo, las hormonas son las más comúnmente detectadas. Las hormonas presentes en los sistemas acuáticos causan disrupción endócrina en los organismos acuáticos. Ésto podría generar a largo plazo consecuencias negativas en la dinámica poblacional de las especies expuestas (1). La remoción de hormonas no es eficiente mediante los procesos convencionales en las plantas de tratamiento de aguas residuales, por lo que se han propuesto nuevos métodos para su remoción como es el caso de la biosorción. En este tratamiento se han probado distintos adsorbentes, entre ellos el carbón activado. La elaboración de carbón activado a partir de residuos agroforestales es una alternativa para el manejo de dichos residuos y del cual se obtiene un producto con valor agregado (2), por lo que se propone la investigación de estos nuevos materiales como biosorbentes para la remoción de hormonas.

Metodología. 1) Selección de los residuos orgánicos: con base a su cantidad generada y potencial contaminante se seleccionó el aserrín de *Pinus sp.* 2) Caracterización de la materia prima: se caracterizó de acuerdo con su pH, conductividad eléctrica, cenizas, humedad, análisis elemental, espectroscopia infrarroja y análisis termogravimétrico. 3) Elaboración de carbón activado: se realizó una pirólisis del residuo agrícola a 800 °C por 30 min, posteriormente se efectuó una activación química por inmersión durante 16 horas con H₃PO₄ a una relación de impregnación (RI) de 0, 0.5 y 1.0, se lavó con agua acidificada y agua destilada; por último, se efectuó el secado, la molienda y tamizaje. 4) Caracterización de los carbonos activados: se realizó el cálculo de su rendimiento, se analizaron por espectroscopia infrarroja (FTIR), microscopia electrónica de barrido (MEB), espectroscopia de energía dispersiva (EDX), difracción de rayos X (DRX) y por método BET. 5) Selección de los contaminantes emergentes: se seleccionó el grupo de las hormonas, dentro de este grupo se seleccionó la hormona 17- α -etinilestradiol por ser utilizada en terapia hormonal en medicina humana y veterinaria. 6) Determinación de la eficiencia de biosorción: para ello se prepararán modelos de agua que contenga la hormona de interés, la cuantificación se realizará por HPLC-DAD utilizando un estándar de referencia, se optimizarán las condiciones de la biosorción respecto a la masa del adsorbente y pH del modelo de agua, se llevarán a cabo cinéticas de remoción; las condiciones óptimas obtenidas permitirán evaluar la eficacia de remoción de hormonas. 7) Análisis estadístico de los datos: se utilizará estadística descriptiva y análisis de superficie de respuesta.

Resultados y discusión. 1) Caracterización del aserrín de *Pinus sp.*, el análisis termogravimétrico muestra que la pirólisis del aserrín ocurre en un rango de 200 a 600 °C, contiene un 72 % de materia volátil, un 18.5 % de carbono fijo y 2.7 % de cenizas; respecto al análisis por FTIR, el espectro obtenido muestra semejanza con el espectro de celulosa y se detectan grupos funcionales relacionados a especies maderables que coinciden con lo reportado por Moya *et al.* (2017). 2) Caracterización de los carbonos activados. Se obtuvieron 3 carbonos activados cuyo rendimiento fue de 17.8 a 18.3 %. En el análisis por FTIR, los espectros obtenidos muestran variaciones en las longitudes de onda, intensidades y cantidad de señales, lo que demuestra un cambio en los grupos funcionales de la superficie de los adsorbentes respecto al aserrín. En el análisis por MEB, se observaron estructuras irregulares y tubulares con tamaños menores a 62 μ m con superficie rugosa y presencia de poros con tamaños de 3 μ m; al igual que lo encontrado por Acevedo *et al.* (2016), estos resultados indican que existe una mayor activación del carbón al aumentar la relación del agente activante. Con relación a la superficie específica se detectó en un rango de 526 a 572.5 m²/g; estos valores son mayores a lo reportado por Rovani *et al.* (2014, 2016), en donde obtuvo 16.5 m²/g para un adsorbente elaborado con una mezcla de café, aserrín y aceite y 209.9 m²/g para un carbón activado elaborado con una mezcla de café y aserrín.

Conclusiones y perspectivas. Se obtuvieron 3 carbonos activados a partir de aserrín de pino. El rendimiento alcanzado para estos materiales fue de 17.8 a 18.3 %. El adsorbente con mayor superficie específica (572.5 m²/g) fue el carbón activado elaborado a 800 °C durante 30 minutos y con una RI de H₃PO₄ de 1.0. Por comparación de los espectros de FTIR entre el aserrín y el carbón seleccionado se observó la degradación de los grupos funcionales asociados a estructuras como celulosa, lignina y hemicelulosa. Se identifican cambios en los grupos funcionales del carbón. A través del análisis MEB se observó la morfología del carbón activado seleccionado, la cual está conformada por estructuras irregulares y tubulares con superficie rugosa que permiten al carbón aumentar su superficie específica. Los resultados preliminares muestran características en la estructura del carbón activado de *Pinus sp.* que favorecerán la remoción de hormonas en agua.

Referencias.

- Oropesa, AL., Moreno, JJ., Gómez, LJ. 2017. Lesiones histopatológicas en peces originadas por la exposición a contaminantes emergentes: recopilando y analizando datos. *Rev. de Toxicol.* 34(2): 99-108.
- Rovani, S., Censi, M. T., Pedrotti, S. L., Lima, É. C., Cataluña, R., Fernandes, A. N. 2014. Development of a new adsorbent from agro-industrial waste and its potential use in endocrine disruptor compound removal. *J. Hazard. Mater.* 271: 311-320.



EVALUACIÓN DE LA REMOCIÓN DE MACRO Y MICROCONTAMINANTES EN UN SISTEMA HÍBRIDO DE TRATAMIENTO DE AGUAS RESIDUALES COMPUESTO DE UN TRATAMIENTO BIOLÓGICO MÁS TRATAMIENTO SUELO ACUÍFERO.

Ángel Eduardo Zamora Acevedo, *Marco Antonio Garzón Zúñiga.

Email: mgarzon@ipn.mx

CIIDIR Durango

Palabras clave: Recarga artificial de acuíferos, tratamiento suelo-acuífero, tratamiento biológico, tratamiento híbrido

Introducción. El tratamiento suelo-acuífero (TSA) es una tecnología que puede producir agua para su reutilización potable indirecta cuando se combina con otras tecnologías de tratamiento de aguas residuales (1). El agua tratada de un sistema TSA se infiltra a través de la zona vadosa del acuífero, mejorando así su calidad mediante los procesos de filtración, biodegradación, adsorción y precipitación química que se dan durante la infiltración (2). No obstante, muchos proyectos de recuperación de agua han fracasado debido al riesgo percibido para la salud asociado con la posible contaminación de los suelos y las aguas subterráneas locales. Esto ha llevado a un incremento en el número de esquemas, que utilizan fuentes de agua que provienen de tratamientos avanzados (3), siendo no viable económicamente para países en desarrollo. Este trabajo evalúa un sistema de tratamiento de aguas residuales híbrido compuesto por un proceso biológico más un proceso de filtración en suelo y una disposición final en acuífero para zonas áridas y semiáridas pobladas.

Metodología. Se evaluaron dos efluentes de tratamientos biológicos en operación en la ciudad de Durango: lagunas aireadas (LA) y biofiltración (BF). Se midieron dos parámetros, la materia orgánica a través de la Demanda Química de Oxígeno (DQO) mediante el método de reflujo cerrado del Standard Methods 5220C y los Coliformes fecales por el método del número más probable con la metodología basada en la NMX-AA-042-SCFI-2015, por un periodo de 03 meses con una periodicidad en el muestreo de 15 días.

Resultados y discusión. La remoción de coliformes fecales se muestran en la figura 1. Se observa una remoción promedio de coliformes fecales de 2.83 ± 0.98 unidades logarítmicas para el sistema de LA. Mientras que para el sistema de biofiltración se observa una remoción consistente de 4 unidades logarítmicas.

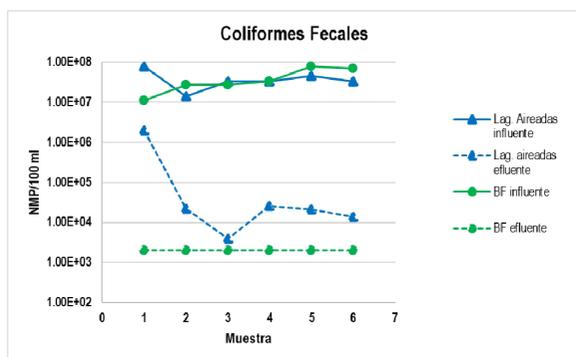


Figura 1. Remoción de Coliformes Fecales.

La remoción de la DQO se muestra en la figura 2. El influente para las LA pasó de 465.6 ± 36.09 mg/L a 196.2 ± 28.9 mg/L en el efluente, lo cual representa una eficiencia de remoción del 57%. El influente de la BF pasó de 575.1 ± 152.4 mg/L a 94.1 ± 26.8 mg/L en el efluente, lo cual representa una eficiencia de remoción en la BF de 84%.

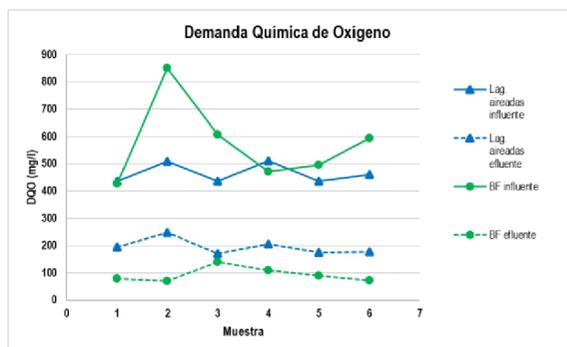


Figura 2. Remoción de DQO.

Conclusiones y perspectivas. Se observa que el sistema de BF es más eficiente en la remoción de materia orgánica y patógenos. Sin embargo, ninguno de los dos efluentes es apto para la recarga artificial de acuíferos según la "NOM-014-CONAGUA-2003, Requisitos para la recarga artificial de acuíferos con agua residual tratada" que requiere la inactivación total de microorganismo patógenos; por lo que se requiere de un pulimento para alcanzar los parámetros en la calidad de agua requerida para la recarga artificial de acuíferos, en el marco del presente estudio se evaluará a nivel laboratorio un tratamiento suelo acuífero para lograr alcanzar la calidad de agua necesaria para hacer recarga de acuíferos en zonas áridas.

Referencias.

- Abel CD, Sharma SK, Buçpapaj E & Kennedy MD. 2013. Impact of hydraulic loading rate and media type on removal of bulk organic matter and nitrogen from primary effluent in a laboratory-scale soil aquifer treatment system. *Water Science and Technology*. 68 (1): 217–226.
- Sharma SK, Hussen M & Amy G. 2011. Soil aquifer treatment using advanced primary effluent. *Water Science and Technology*. 64 (3): 640–646.
- Lee GF & Jones-Lee A. 1996. Appropriate degree of domestic wastewater treatment before groundwater recharge and for shrubbery irrigation. *Water Reuse Conference Proceedings*. Denver, CO, USA February 1996. p. 929.



CARACTERIZACIÓN DE ARN PEQUEÑOS NO CODIFICANTES DURANTE LA FASE DE ATAQUE Y CRECIMIENTO EN *Bdellovibrio bacteriovorus*

Alma Lilia Vazquez Najera, Xianwu Guo*

Laboratorio de Biotecnología Genómica, Centro de Biotecnología Genómica del IPN. Blvd del Maestro SN, Narciso Mendoza, CP. 88710 Reynosa, Tamps. México Teléfono 899 924 3627ext. 87752 xquo@ipn.mx

CBG Reynosa

Palabras clave: *Bdellovibrio bacteriovorus*, ARN, regulador, ciclo de vida

Introducción. Los ARN pequeños no codificantes (sRNA) bacterianos son ARN reguladores que son heterogéneos en tamaño (aproximadamente de 50 a 250 nucleótidos). Se sabe que los sRNA funcionan en una serie de procesos reguladores, como la inhibición, activación de la traducción, la degradación, estabilización del ARNm, reacciones metabólicas, detección de quorum, formación de biopelículas, respuestas al estrés y patogenicidad (1). En la última década, se han empleado métodos de secuenciación de ARN (RNA-seq) de alto rendimiento para identificar sRNA a escala de todo el genoma en numerosas especies bacterianas (2). *Bdellovibrio* es una bacteria que ha ido tomando más importancia debido a que *Bdellovibrio* y organismos similares (BALOs) son bacterias depredadoras obligadas que se alimentan selectivamente de una amplia gama de bacterias Gram-negativas, incluidos patógenos humanos resistentes a múltiples fármacos (3). Debido a su estilo de vida único, han sido reconocidos durante mucho tiempo como un potencial agente terapéutico y de biocontrol (4). Hasta el momento solo se han identificado 8 ARN pequeños no codificantes en la fase de ataque (5). Sin embargo, encontrar nuevos (sRNAs) en *Bdellovibrio*, permitirá en el futuro tener más herramientas y conocimiento para potenciales aplicaciones biotecnológicas.

Planteamiento del problema. Numerosos procesos celulares, como reacciones metabólicas, detección del quorum, formación de biopelículas, respuestas al estrés y patogénesis, están controlados por ARN pequeños no codificantes en distintas bacterias. Sin embargo, en *Bdellovibrio* existe muy poca información sobre la existencia de ellos y hasta el momento solo se han identificado 8 ARN no codificantes en la fase de ataque, también pudieran existir (sARNs) adicionales en la fase de crecimiento, pero la falta de datos TSS confiables para esta fase del ciclo de vida de *Bdellovibrio bacteriovorus* impide la determinación de las premisas de estos sARNs. Anteriormente se empleaban micro rayos para las investigaciones en transcriptomas. Sin embargo, este método presenta limitaciones.

Justificación. Actualmente se busca encontrar y dilucidar la presencia de ARN pequeños no codificantes en el transcriptoma de *Bdellovibrio*, mediante el enfoque bioinformático y el empleo de TSS-seq. Esta bacteria resulta interesante ya que se ha demostrado que *Bdellovibrio* y organismos similares los BALOs son bacterias depredadoras obligadas que se encuentran en la naturaleza, estas pueden alimentarse y matar a una gran variedad de bacterias Gram-negativas patógenas de humanos y resistentes a antibióticos. Sin embargo, se requiere mayor conocimiento de las características moleculares que están involucrados durante la depredación, así como los genes esenciales en cada etapa del ciclo de vida, esto para

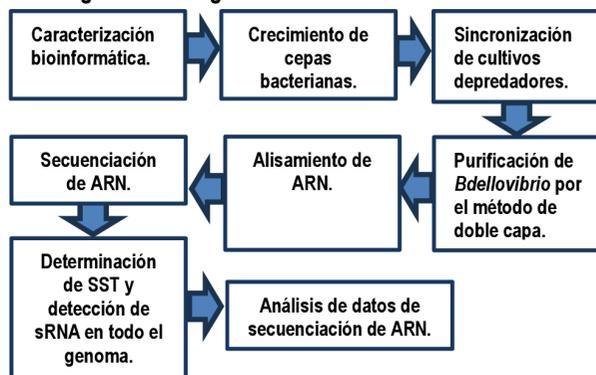
tener una mayor información, ya que un futuro *Bdellovibrio* podría ser un modelo de depredación bacteriana, al igual que se podría tener aplicaciones biotecnológicas en medicina, agricultura, farmacéutica entre muchas otras. Por ello, en este trabajo se propone la caracterización de ARN pequeños no codificantes durante la etapa de ataque y crecimiento en el ciclo de vida de *Bdellovibrio bacteriovorus* ya que contribuiría a nueva información sobre bacterias depredadoras.

Objetivo general. Analizar y caracterizar el perfil transcriptómico de ARN pequeños no codificantes durante la fase de ataque y crecimiento en el ciclo de vida de *Bdellovibrio bacteriovorus* HD100.

Objetivos particulares.

1. Caracterizar bioinformáticamente sRNA supuestos en el genoma de *Bdellovibrio bacteriovorus* HD100
2. Secuenciar diferencialmente ARNm y ARN pequeño no codificante en combinación con la secuenciación (TSS-seq) en fase de ataque y crecimiento de *Bdellovibrio bacteriovorus* HD100.
3. Confirmar la expresión de pequeños sRNA por RT-PCR.
4. Analizar los datos de secuenciación mediante LIMMA y APERO.

Estrategia metodológica.



Resultados esperados: Identificar la existencia de pequeños ARN no codificantes en el ciclo de vida de *Bdellovibrio*, a su vez, este conocimiento revelará las características funcionales que mejoraran la comprensión de los mecanismos que emplea *Bdellovibrio* para regular su fisiología durante las dos etapas en su ciclo de vida.

Referencias

1. Grüll, MP, Peña-Castillo, L., Mulligan, ME y Lang, AS (2017). Identificación y caracterización de todo el genoma de ARN pequeños en *Rhodobacter capsulatus* e identificación de ARN pequeños afectados por la pérdida del regulador de respuesta CtrA. *Biología del ARN*, 14 (7), 914–925.



SUPRESIÓN DE GENES ESPECÍFICOS DE *Bacillus thuringiensis* APLICANDO HERRAMIENTAS ÓMICAS PARA EVALUAR LA PRODUCCIÓN DE PRODUCTOS DE INTERÉS COMERCIAL

Nancy Aguayo Ramos, Víctor Eric López y López*.

CIBA-Tlaxcala vlopezyl@ipn.mx.

Palabras clave: *Bacillus thuringiensis*, siRNA, RNA-seq, expresión genica, fermentador, análisis bioinformático.

Introducción. La bacteria *Bacillus thuringiensis* (**Bt**) es normalmente utilizada como un agente de control biológico. Sin embargo, se ha estudiado la posibilidad de utilizarla como una plataforma para la producción de productos de interés a nivel comercial (1). La obtención de estos metabolitos se ve limitada por la baja productividad de **Bt** y la necesidad de sustratos costosos. Por lo tanto, los esfuerzos deben reorientarse para mejorar la eficiencia de la producción y los bioprocesos de recuperación con el fin de optimizar los rendimientos. En consecuencia, diversas estrategias se han desarrollado para lograr este propósito; principalmente el uso de modificaciones genéticas realizadas en los factores de transcripción globales (2). Un enfoque molecular recientemente utilizado para inhibir la expresión genica, conocido como ARN de interferencia (ARNi) en conjunto con el análisis de expresión busca revolucionar la forma en la que se estudia la función genética. Existen pocas investigaciones relacionadas con el uso de esta técnica y escasas en el uso de bacterias (3). La aplicación de técnicas de delección genética puede aumentar la comprensión de la relación entre las señales ambientales y los cambios globales en la expresión genica, así como la identificación de moléculas de señalización intracelular que interactúan con proteínas reguladoras permitiendo generar eficiencias en los bioprocesos (4).

Planteamiento del problema. Estrategias de modificación genética han sido aplicadas en cepas del género *Bacillus*, sin embargo, pocas se emplean específicamente en **Bt**, además de que el conocimiento de los factores globales en **Bt** no se ha comprendido en su totalidad.

Justificación. Las aplicaciones que tiene **Bt** en diversos sectores productivos, resulta de interés, por ello, conocer los efectos de la delección genética, así como el análisis transcriptómico pueden acercarnos a la comprensión del funcionamiento de los mecanismos de regulación que nos permitan mejorar y controlar los procesos de producción.

Objetivo general. Suprimir genes específicos de *Bacillus thuringiensis* aplicando herramientas ómicas para evaluar la producción de productos de interés comercial.

Objetivos particulares. 1) Seleccionar cepas con producciones específicas de metabolitos de interés. 2) Determinar genes de impacto para el mejoramiento de la producción de metabolitos de interés. 3) Diseñar y aplicar siRNA's específicos de los genes seleccionados previamente. 4) Evaluar los efectos de la represión genética durante el crecimiento y producción a nivel matraz a nivel reactor.

Estrategia metodológica. Para la selección de cepas se revisará la bibliografía acerca de la utilización de *Bacillus thuringiensis*, durante la producción de metabolitos, o enfocados en un solo factor de transcripción. De cada cepa seleccionada, se obtendrá el cDNA

para poder hacer la secuenciación masiva. Con los resultados se desarrollará un análisis bioinformático que nos permita seleccionar 9 genes candidatos para su silenciamiento. Se diseñarán RNAs cortos de interferencia para los genes candidatos y se adicionarán mediante electroporación. Una vez que se tenga la modificación en cada una de las cepas, se llevará a cabo su producción a nivel matraz para conocer los efectos fisiológicos al aplicar el silenciamiento (Fig. 1). Finalmente se seleccionará la cepa en la que se hayan obtenido las mejores condiciones de producción y se llevará a un biorreactor para corroborar que aumentando la producción los efectos son idénticos.

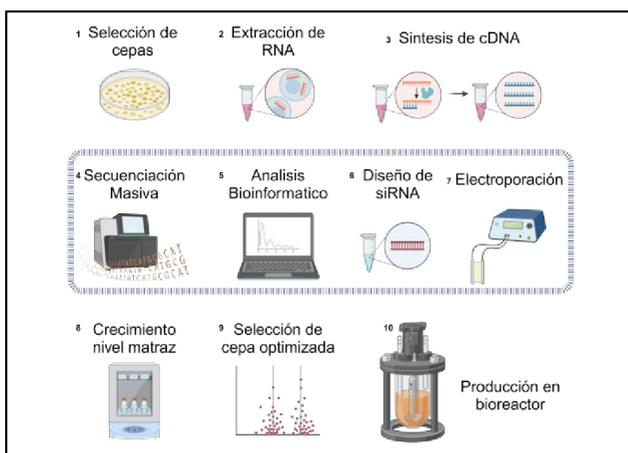


Figura 1. Estrategia experimental planteada.

Resultados esperados. Tras el desarrollo del proyecto de investigación se espera conocer ampliamente el metabolismo que desarrolla *Bacillus thuringiensis* durante la obtención de metabolitos, así mismo, generar condiciones óptimas para su producción.

Referencias.

1. Engineering of global transcription factors in *Bacillus*, a genetic tool for increasing product yields: a bioprocess overview. Tolibia, S. E. M., y otros. 2023, *JMB*, pág. 39 (1).
2. The RNPP family of quorum-sensing proteins in Gram-positive bacteria. Rocha-Estrada, J., y otros. 2010, *Appl Microbiol Biotechnol*, págs. 87 (3): 913-23.
3. YvoA and CcpA repress the expression of chiB in *Bacillus thuringiensis*. Jiang, K., y otros. 2015, *Appl Environ Microbiol*, págs. 81 (19): 6548-57.
4. Targeted and high-throughput gene knockdown in diverse bacteria using synthetic sRNAs. Cho, J. S., y otros. 2023, *Nat Commun*, pág. 14 (1): 2359.



EFFECTO DE BACTERIAS NITRIFICANTES Y DESNITRIFICANTES EN LA DISMINUCIÓN DE LOS DESECHOS NITROGENADOS EN SISTEMAS DE CULTIVO, MICROBIOTA INTESTINAL, CRECIMIENTO, SUPERVIVENCIA Y RESPUESTA INMUNE DEL CAMARÓN BLANCO (*Penaeus vannamei*) RETADO CON *Vibrio parahaemolyticus* IPNGS16

Ana S. Vega-Carranza, Antonio Luna-González*, Ruth Escamilla-Montes, Genaro Diarte-Plata, Cipriano García-Gutiérrez, Xianwu Guo.

*aluna@ipn.mx.

CIIDIR Sinaloa

Palabras clave: bacterias, nitrificación, desnitrificación, camarón, AHPND.

Introducción. Los cultivos hiperintensivos de camarón generan desechos nitrogenados en exceso (amonio y nitritos) que producen un deterioro de la calidad del agua y la generación de problemas patológicos que afectan directamente el desarrollo y crecimiento de los organismos. La nitrificación bacteriana es el método más práctico para su remoción de los sistemas acuícolas cerrados (1). Por lo que el presente trabajo tiene como objetivo evaluar el efecto de bacterias nitrificantes y desnitrificantes que disminuyan los desechos nitrogenados en sistemas de cultivo, así como en la microbiota intestinal, crecimiento, supervivencia y respuesta inmune del camarón (*P. vannamei*) retado con *V. parahaemolyticus* IPNGS16.

Metodología. Para el aislamiento y caracterización bioquímica y molecular de bacterias con potencial nitrificante y desnitrificante, se colectó sedimento e invertebrados marinos en la Bahía de Topolobampo, Ahome, Sinaloa. *In vitro*, a los aislados bacterianos se les determinó la utilización del amonio, nitritos y nitratos. Se realizaron tres bioensayos: I) se evaluó el efecto en la calidad del agua, crecimiento, respuesta inmune y microbiota intestinal, donde se utilizaron bacilos y bacterias ácido lácticas (BAL); II) se usaron bacilos y dos aislados bacterianos del sedimento (BND) para evaluar el efecto en la calidad del agua y crecimiento; III) se emplearon bacilos y BND en el crecimiento, respuesta inmune y calidad del agua. Las secuencias del perfil bacteriano en el intestino se analizaron en las plataformas Shaman, MicrobiomeAnalyst e iVikodak. Al final, se microencapsularán las bacterias benéficas por medio de secado por aspersión y gelificación iónica. Para el análisis estadístico se realizó una ANDEVA de una vía y una prueba *a posteriori* de Tukey HSD con un nivel de significancia de 0.05.

Resultados y discusión. *In vitro*, sólo los bacilos y las BND utilizaron amonio, nitritos y nitratos al presentar producción de burbujas de nitrógeno. El promedio de los parámetros físico-químicos se encontró dentro de los rangos óptimos. En el bioensayo I, se presentó un efecto significativo de los bacilos y BAL en la conversión de amonio a nitratos, pasando por nitritos. La actividad de la fenoloxidas disminuyó significativamente en el tratamiento con BAL y con la mezcla de bacilos y BAL. En el bioensayo II, la mezcla de bacilos y BAL y el tratamiento con BND disminuyó significativamente la concentración de amonio, a lo que se le atribuye que se llevó a cabo el proceso de nitrificación (2) (Fig. 1). En el bioensayo III, se observó el proceso de nitrificación en los tratamientos con bacilos y BND en el agua. En el sistema inmune, el anión superóxido y conteo de hemocitos aumentó significativamente en el tratamiento con BND agregadas en el agua. La tasa de crecimiento específico (TCE) mostró diferencias significativas en el tratamiento con bacilos con

respecto al control. El análisis metagenómico, mostró que el género más abundante fue *Vibrio*, siendo un grupo bacteriano abundante en el intestino de las especies marinas (3).

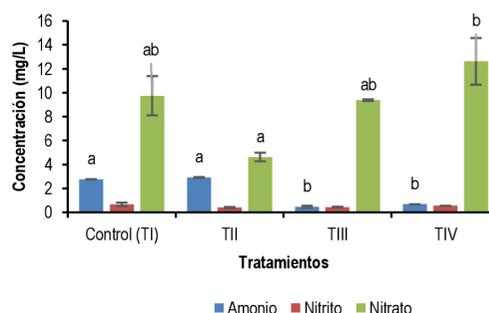


Figura 1. Concentración de amonio, nitritos y nitratos en el bioensayo 2. T1) bacilos + BAL, TIII) BND; TIV) bacilos + BAL + BND, en el agua. Promedio \pm error estándar.

Conclusiones y perspectivas. El uso de bacterias benéficas en los sistemas de cultivo hiperintensivo de camarón blanco, muestran un efecto positivo en la concentración de desechos nitrogenados y la microbiota intestinal, y no tienen efecto en el crecimiento al ser adicionadas en el agua de cultivo. Se espera obtener un efecto desnitrificante de las cepas aisladas con la disminución de los nitratos, lo que resulta importante como una alternativa para mitigar el impacto en el medio ambiente.

Agradecimientos. Trabajo financiado por proyecto SIP 20240436.

Referencias.

- Caffrey, J. M., Bano, N., Kalanetra, K. y Hollibaugh, J. 2007. Ammonia oxidation and ammonia-oxidizing bacteria and archaea from estuaries with differing histories of hypoxia. *ISME J.* (1): 660-662.
- Lezama, C., Paniagua, J. y Zamora, J. 2010. Bioremediation of effluents ones of the culture of *Litopenaeus vannamei* (Boone, 1931) using microbial mats in a recirculating system. *Lat. Am. J. Aquat. Res.* 38(1): 129-142.
- Intriago, J., Quimi, J., Risco, J., López, J., Yalta, J., Bermudez, M. y Mialhe, E. 2018. Metagenómica de la microbiota de juveniles de *Litopenaeus vannamei* inoculados con bacterias probióticas y patógenas. *AquaTIC* (51): 16-29.



ANÁLISIS DE GENOMAS DE NUEVOS BALO'S AISLADOS DE MÉXICO Y SU EFECTO PROTECTOR ANTE INFECCIONES POR *Flavobacterium* EN TILAPIA

Camacho Rodríguez Maria, Luna González Antonio, Guo Zhou Xianwu. *

Centro de Biotecnología Genómica, Laboratorio de Biotecnología Genómica, Reynosa, Tamaulipas, México.

Correo: xquo@ipn.mx Tel. 87752

CBG Reynosa

Palabras clave: *Bdellovibrio*, Bacterias, depredadoras, tilapia, aplicaciones.

Introducción. México actualmente representa el segundo mercado internacional más grande en la producción de Tilapia (mojarra) (FAO, 2021). Entre las características relevantes, destacan sus propiedades nutricionales, como la presencia de ácidos grasos Omega-3, su aporte de vitaminas B, D y E, también tiene fósforo y calcio (Guzmán *et al.*, 2021). El cultivo de Tilapia es de rápida reproducción (Hicab *et al.*, 2016; Martínez *et al.*, 2021), sin embargo, enfrenta limitantes; como las infecciones parasitarias, fúngicas y bacterianas, dentro de esta última se encuentran las ocasionadas por *Flavobacterium*, que afecta durante todo el ciclo reproductivo, incluso donde se tiene los cuidados necesarios de transporte, clasificación y vacunación (Kandel *et al.*, 2014; Yue *et al.*, 2016). Es por ello que, en este trabajo, el objetivo es aislar e identificar nuevas cepas depredadoras de BALOs y evaluar su potencial terapéutico contra las infecciones por *Flavobacterium* en Tilapia.

Metodología. Se colectaron 32 muestras (13 de agua, 11 de suelo y 8 de agua + suelo) de diferentes lugares de México, posteriormente se realizó el aislamiento y purificación de BALOs de la siguiente manera: 1). Aislamiento. Para ello en muestras de suelo y agua dulce se utilizó como presa *Pseudomonas aureginosa* y para muestras de agua salada *Vibrio parahaemolyticus*. Las muestras se procesaron y se crearon co-cultivos. Se utilizó detección molecular por PCR para detectar presencia de BALO's según lo descrito por Jurkevitch, 2012, 2). Purificación. Se utilizó la técnica de doble capa en placa (DLA) (Jurkevitch, 2012).

Resultados y discusión. Los resultados de PCR indicaron presencia de BALO's en 20 muestras; 18 correspondientes a *Bdellovibrio*, 1 a *Peredibacter* y 1 a *Micavibrio* (Figura 1, Cuadro 1).

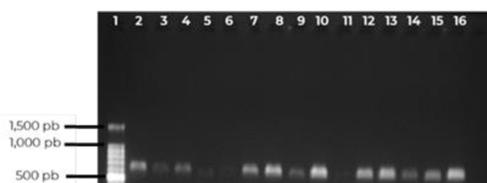


Figura 1. Electroforesis de los resultados de PCR. Se obtuvieron fragmentos amplificados correspondientes al gen 16S del rRNA específicos para *Bdellovibrio*. 1) 100 pb DNA Ladder (#G210A, Promega, USA), 2) M1, 3) M3, 4) M7, 5) M8, 6) M10, 7) M12, 8) M14, 9) M18, 10) M19, 11) M20, 12) M21, 13) M26, 14) M28, 15) M30, 16) C+.

Cuadro 1. Resultados de PCR con oligonucleótidos específicos (BbsF216/BbsR707) para BALO's.

Muestras	Primera							
	BbsF216 BbsR707	BbsF BbsR	BbsHTR BbsHTR	21BbsF 1260BbsR	Per676F Per1435Rd	PerF PerR	McvF McvR	Bac646F Bac1442R
1								
2	+							
3								
4	+							
5								
6	+							
7	+							
8								
9								
10	+		+				+	
11								
12	+							+
13								
14	+							
15								
16								
17								
18	+							
19								
20	+			+				
21	+							
22	+							
23	+							
24								
25								
26	+						+	
27								
28	+							
29	+							
30	+							
31	+							
32	+							

A pesar de la identificación de BALO's, los resultados obtenidos para su purificación en DLA han sido negativos, lo cual puede deberse a la baja concentración de estas bacterias, pues en los co-cultivos en matraz la lisis ha sido escasa, la presencia de lisis es un indicador de la presencia de BALO's (Jurkevitch, 2012). Se sigue trabajando en la purificación, para ello los co-cultivos están siendo enriquecidos, lo que permitirá aumentar la concentración y de esta manera volver a realizar la purificación por DLA.

Conclusiones y perspectivas. Se identificó la presencia de BALO's en 20 muestras del género *Bdellovibrio*, *Peredibacter* y *Micavibrio*. Mejorar las técnicas de aislamiento de las nuevas cepas de bacterias depredadoras y posteriormente caracterizar e identificar, y analizar sus genomas. Además, probar sus aplicaciones sobre el patógeno *Flavobacterium* de Tilapia en acuicultura.

Agradecimientos. Se agradece el apoyo del CBG-IPN, CIIDIR Sinaloa y de Beca de Posgrado de Conahcyt.

Referencias.

- Guzmán, P., Gerbens, P. W., Vaca, S. D. (2021). La huella hídrica, energética y terrestre de la acuicultura de tilapia en México, una comparación de las huellas de peces y carnes. Recursos, Conservación y Reciclaje, Volumen165.
- Huicab, Z., Landeros, C., Castañeda, M., Lango, F., López, C., & Platas, D. (2016). Estado actual de la patogenicidad de las bacterias y su relación con el huésped y el medio ambiente en tilapia *Oreochromis niloticus*. Revista de investigación y desarrollo de la acuicultura, 7(5), 1-10.



ESTUDIO DE LA PRODUCCIÓN DE XILANASAS NATIVAS Y RECOMBINANTES Y SU APLICACIÓN EN LA INDUSTRIA ACUÍCOLA, ALIMENTARIA Y BIOENERGÉTICOS.

Denisse Aylin Norzagaray Quevedo, Claudia Castro Martínez*, María Guadalupe Aguilar Uscanga, Carlos Ligne Calderón Vázquez, Ignacio Eduardo Maldonado Mendoza

**Autor corresponsal ccastro@ipn.mx Tel (687) 8726626. Ext. 87661. CIIDIR Sinaloa

Palabras clave: *Xilanasas, enzimas, microorganismos, biotecnología.*

Introducción. Existe un creciente interés en la producción de enzimas mediante procesos biotecnológicos debido a su gran relevancia industrial, ya que ofrecen soluciones sostenibles para los desafíos actuales (1). Además, se tiene una necesidad hacia el desarrollo de bioproductos y bioenergía a partir de fuentes renovables rentables (2) y transicionar hacia una economía circular. En este escenario los microorganismos que incluyen bacterias, hongos y levaduras han emergido como los principales modelos para la búsqueda de producción de enzimas. Las xilanasas, un tipo de enzimas, destacan por sus diversas aplicaciones en una amplia variedad de campos. Estas enzimas son el objeto de estudio del presente trabajo de investigación.

Cuadro 1. Microorganismos modelos productores de xilanasas

Tipo de microorganismo	Microorganismos
Bacteria	<i>Bacillus sp.</i> , <i>Escherichia coli</i>
Hongo	<i>Aspergillus sp.</i> , <i>Penicillium sp.</i>
Levadura	<i>Pichia sp.</i> , <i>Saccharomyces cerevisiae</i>

Planteamiento del problema. La producción de xilanasas enfrenta desafíos económicos en la obtención de cepas microbianas con mejores rendimientos (3). Una solución prometedora radica en la implementación de estrategias de optimización siendo esencial desarrollar métodos eficientes y sostenibles.

Justificación. Las industrias buscan alternativas para reemplazar catalizadores químicos por catalizadores biológicos, que permita la rentabilidad de producción en términos técnicos, económicos y ambientales. En este sentido, la producción de xilanasas no solo responde a las necesidades actuales de las industrias en cuanto a sostenibilidad y eficiencia, sino que también impulsa el progreso tecnológico y la innovación en el campo de la biotecnología.

Objetivo general. Diseñar y establecer un bioproceso para la producción de xilanasas nativas y recombinantes y su aplicación en la industria alimentaria, bioenergética y acuícola.

Objetivos particulares. 1. Aislar, caracterizar, identificar molecularmente y seleccionar cepas de microorganismos productores de xilanasas con potencial para aplicaciones biotecnológicas. 2. Evaluar condiciones de producción de extractos enzimáticos producidas por microorganismos autóctonos y recombinantes a nivel matraz. 3. Optimizar la producción de xilanasas nativas y recombinantes. 4. Evaluar diferentes fuentes de carbono para la producción de xilanasas autóctonas y recombinantes. 5. Llevar a cabo producción de extractos enzimáticos de xilanasas en bioreactor de 3L y emplearlos en la obtención de xilitol, bioenergía y formulados para la acuicultura.

Estrategia metodológica. Se aislarán microorganismos nativos de los estados de Sinaloa y Veracruz que serán evaluados en base a la producción de xilanasas a nivel cualitativo y cuantitativo. Los mejores aislados serán identificados mediante técnicas moleculares. La producción de la enzima se llevará a cabo en fermentaciones sumergidas (SmF). Se evaluarán el xilano y residuos agrícolas como fuente de carbono para la producción de los aislados y xilanasas. También serán estudiadas variables fisicoquímicas como el pH, la Temperatura, RSL y la agitación. Se optimizará la producción de xilanasas empleando el diseño Box-Behnken. La determinación de la actividad enzimática se realizará por el método descrito por Megazyme y el análisis de proteína por SDS-PAGE. Se incrementará el volumen de trabajo previamente optimizado en un bioreactor de 3L.

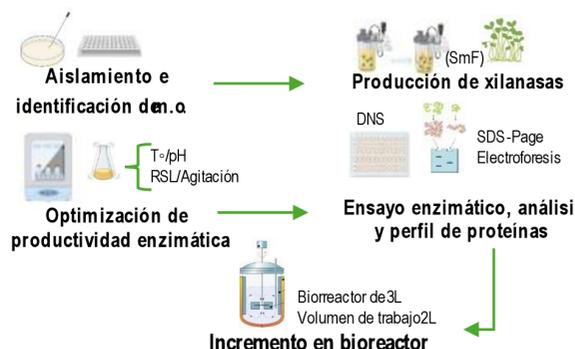


Figura 1. Estrategia experimental.

Resultados esperados. Colección de microorganismos autóctonos de México productores de xilanasas. Selección de al menos dos microorganismos recombinantes productores de xilanasas y su caracterización bioquímica. Dos protocolos de producción de xilanasas a nivel matraz y bioreactor de 3L optimizados. Aplicación y evaluación de extractos enzimáticos de xilanasas en al menos dos procesos: 1) producción de xilitol, 2) aditivo en formulaciones para camarones.

Referencias.

- Ranjbari, M., Shams E., Quatraro F., Vatanparast H., Aghsachlo S., Tabatabaei M. 2022. Biomass and organic waste potentials towards implementing circular bioeconomy platforms. *Fuel*, 318.
- Puchart, V., Suchová K., Biely, P. 2021. Xylanasases of glycosidehydrolase family 30- An overview. *Biotechnol. Adv.*, 47, 107704.
- Sakhuja D., Ghai H., Ranju K.R. 2021. Cost-effective production of biocatalyst using inexpensive plant biomass. *Science and Technology. Biotech* 11:280.



EFECTO DE PROBIÓTICOS MICROENCAPSULADOS EN EL CRECIMIENTO, MICROBIOTA INTESTINAL, COMPOSICIÓN BIOQUÍMICA Y SISTEMA INMUNE DE LA JAIBA CAFÉ *Callinectes bellicosus* RETADO CON *Vibrio harveyi*

Elvia G. Medina-Contreras, Ruth Escamilla-Montes, Genaro Diarte-Plata*, Antonio Luna-González, María E. Santos-Cervantes, Magnolia Montoya-Mejía
* gdiarte@ipn.mx
CIIDIR Sinaloa

Palabras clave: Jaiba, Aislamiento, Purificación, Caracterización bioquímica, Probióticos

Introducción. Los crustáceos son vulnerables a patógenos bacterianos provenientes del género *Vibrio*. Por lo que la utilización de probióticos (1) puede estimular el sistema inmunológico, además de involucrarse en los procesos digestivos de los organismos. El presente trabajo tiene como objetivo evaluar el efecto de probióticos microencapsulados en el crecimiento, microbiota intestinal, composición bioquímica, así como el sistema inmune de la jaiba café *C. bellicosus* retado con *V. harveyi* VCBI PN 2016.

Metodología. Se capturaron 58 machos juveniles (<7.5 cm de ancho de caparazón) de jaiba café *C. bellicosus* en la bahía de Ohuira, Ahome, Sinaloa, México. Para el aislamiento de cepas de BAL y bacilos se les extrajo el intestino y se sembraron por esparcimiento en agar tripticosa de soya (TSA) al 2.5 % de NaCl (MCD LAB) y agar MRS al 2.5 % de NaCl (Man Rogosa y Sharpe, MRS, Bioxon), se incubaron a 32 °C por 24 y 48 h respectivamente. Se purificaron por estria cruzada y se obtuvieron los stocks los que se conservaron en s TSA y MRS con 15 % (v/v) de glicerol a -70 °C. Se caracterizaron a nivel bioquímico con las siguientes técnicas: actividad hemolítica, tinción de gram, prueba de catalasa, adhesión microbiana a solventes, autoagregación y coagregación, formación de biofilm, cinética de crecimiento bacteriano, UFC/ml, tolerancia a la salinidad y pH, actividad enzimática extracelular y resistencia a antibióticos (2) (Fig. 1).

Resultados y discusión. Se obtuvieron 45 aislados presuntivos de BAL de los cuales 43 presentaron hemólisis beta (β) y 2 gamma (γ), (A1-2 y A2-4B). En bacilos se aislaron 186 cepas de los cuales 156 presentaron hemólisis β y 30 hemólisis γ . A partir de la prueba de hidrofobicidad, se seleccionaron 6 aislados presuntivos (130, 146, 2, 112, 37 y 22). Todos los aislados fueron Gram positivas, en forma de bastón, positivos a catalasa (BAL). Presentaron hidrofobicidad de 0.75 % (A1-2), 48.38 % (A2-4B), y en bacilos de 1.17 % (130), 1.18 % (146), 12.92 % (2), 13.31 % (112), 55.56 % (37) y 83.29 % (22). En autoagregación en las BAL registraron un 63.28 % (A1-2) y 65.24 % (A2-4B), en bacilos fue de 67.76 % (130), 66.27 % (146), 67.48 % (2), 62.68 % (112), 67.36 % (37), 64.85 % (22). En la prueba de coagregación, BAL y bacilos presentaron 39 % (A1-2) y 38 % (A2-4B), 50 % (130), 37 % (146), 36 % (2), 37 % (112), 53 % (37), 51 % (22). En la formación de biofilm se observó un 0.313 ± 0.01 (A1-2), 0.301 ± 0.09 (A2-4B), 0.738 ± 0.09 (130), 0.268 ± 0.04 (146), 0.601 ± 0.11 (2), 0.285 ± 0.08 (112), 0.314 ± 0.06 (37) y 0.487 ± 0.12 (22). En la cinética de crecimiento bacteriano, la fase exponencial se presentó a partir de las 10 y 24 h, la estacionaria de las 48 h hasta las 336 h (A1-2 y A2-4B). En los bacilos, la fase

estacionaria fue entre 12 y 120 h. En el conteo de UFC la BAL A1-2 presentó 88×10^7 UFC/ml, mientras que, en bacilos, el 2 presentó 45×10^7 UFC/ml. Todos los aislados presentaron tolerancia a los diferentes rangos de salinidad (0 – 12 %) y pH (4 – 10). Tanto los aislados BAL y bacilos presentaron actividad de proteasas, de los antibióticos probados. Se encontró resistencia a gentamicina, estreptomycin y trimetoprima/sulfametoxazol.



Figura 1. Proceso de aislamiento, purificación, y caracterización de bacterias presuntivas probióticas bacilos y BAL.

Conclusiones y perspectivas. Por lo que se concluye que los aislados cumplen las características para que una bacteria pueda considerarse probiótica, tales como hemólisis γ , hidrofobicidad, formación de biopelículas, alta autoagregación, tolerancias a diferentes porcentajes de salinidad y rangos de pH y cierta resistencia a antibióticos. Dichas características en los aislados son básicas para que puedan ser utilizados como presuntivos probióticos en acuicultura.

Agradecimientos. Al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías por la beca otorgada.

Referencias.

- Espinosa, M. 2018. Aislamiento y caracterización de bacterias con potencial probiótico y patógeno de estómago, intestino y huevos en la jaiba *Callinectes bellicosus* (Stimpson, 1859).
- Escamilla-Montes, R., Luna-Gonzalez, A., Flores-Miranda, M.C., Alvarez-Ruiz, P., Fierro-Coronado, J.A., Sánchez-Ortiz, A.C., Avila-Leal, J., (2015). Isolation and Characterization of Potential Probiotic Bacteria Suitable for Mollusk Larvae Cultures. *Thai J. Vet. Med.* 45 (1), 11-21.



PROPORCIÓN SEXUAL OPERACIONAL Y PATERNIDAD MÚLTIPLE DE CRÍAS DE LA POBLACIÓN DE TORTUGA NEGRA (*Chelonia mydas agassizii*) EN MICHOACÁN.

Delgado-Trejo Carlos, Pérez Ishiwara David Guillermo*, Reyes-López Miguel Ángel*

mreyes@ipn.mx

CBG Reynosa

Palabras clave: Tortuga negra, Proporción sexual, Paternidad múltiple.

Introducción. La proporción sexual operacional (PSO) es un rasgo de la historia de vida de las tortugas marinas que es poco estudiado en la mayor parte de las especies y poblaciones alrededor del mundo. En tortuga negra, la PSO, se estudió recientemente debido a que la selección sexual epigámica (cortejo y apareamiento) se llevan a cabo muy cerca de la playa de anidación donde es posible medirla a lo largo de la temporada de reproducción. La PSO, se define como la relación entre los machos sexualmente activos y las hembras sexualmente receptivas dentro de una población (1). En este trabajo, se pretende dar respuesta algunas preguntas sobre la proporción sexual operacional que podría estar relacionada con la paternidad múltiple y cuáles son los rasgos y estrategias reproductivas de los machos utilizan para ser seleccionados por las hembras.

Metodología. En esta primera etapa, se estimará la PSO de la población de tortuga negra (*C. m. agassizii*), por medio de observaciones directas de grupos de adultos reproductores en interacciones reproductivas a través del método de muestreo "focal" y "ad libitum" y, el método de registro continuo (2). Las observaciones se llevan a cabo desde una plataforma rocosa natural de 40 m de altura donde se pueden observar y registrar estas interacciones durante la temporada de reproducción (2023 a 2025). Adicionalmente se llevará a cabo un registro fotográfico y de video, para documentar las interacciones reproductivas a lo largo de la playa de Colola, a través de un DRONE DJI MINI 3 a 20 m de altura. Las observaciones se realizarán principalmente de septiembre a enero, de 08:00 am a 18:00 pm. Para la segunda etapa, se llevara a cabo la identificación de paternidad múltiple a través de análisis moleculares. Para esto, se colectará muestras de tejido de crías muertas en 30 nidos incubados en el vivero de la playa de Colola, las cuales serán exhumadas 12 hrs después de la emergencia de las crías. Los análisis de paternidad múltiple en crías de tortuga negra, se realizará a través de la identificación de microsátélites, para determinar la contribución paterna en la progenie.

Resultados y discusión. Durante los meses de septiembre, octubre y noviembre de 2023, se realizaron observaciones de interacciones reproductivas de hembras y machos reproductores a través del muestreo focal y el muestreo *ad libitum* y el método de registro continuo (2). Se llevó a cabo 60 h de observación en estos tres meses, entre el 12 de septiembre y el 17 de noviembre de 2023. Las observaciones se realizaron entre las 08:00 am y las 18:00 hrs. En estas 60 horas de observaciones se identificaron 178 grupos de copula (72 grupos en septiembre, 98 en octubre y ocho grupos en noviembre) en las cuales estuvieron involucrados 425 machos y 178 hembras de tortuga negra. La PSO de tortuga negra estimada para este periodo fue de 2.3:1 (macho/hembra). La PSO estimada en el mes de septiembre fue de 3.3:1 (macho:hembra) y se observaron 72 grupos de copula en el que estuvieron involucrados 219 machos y 72 hembras. En el mes de octubre la proporción sexual operacional obtenida fue de 2.3:1. En este mes, se observaron 98 grupos de copula en los que estuvieron involucrados 178 machos y 100

hembras y mientras que en el mes de noviembre la distribución de la PSO fue de 3.5:1 (macho:hembra), observando ocho grupos de copula con 28 machos y 8 hembras involucrados.

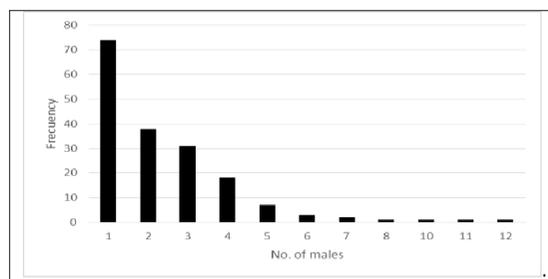


Figura 1. Número de machos por grupo de cópula observados en 178 interacciones reproductivas observadas en tortuga negra.

Conclusiones y perspectivas. La PSO obtenida en 2023 en la población reproductora de tortuga negra en Colola, (2.3:1) tendrá efectos en la frecuencia de paternidad múltiple de las crías debido al bajo número de machos observados en interacciones reproductivas observados en esta temporada. De acuerdo al número de machos observados en los grupos de copula y si la estimación de paternidad múltiple está relacionada con la frecuencia de paternidad múltiple, esperamos que la frecuencia de paternidad múltiple en 2023 se presente en el 58.5 % de los nidos muestreados donde estén involucrados al menos dos machos. Las variaciones ambientales en la zona provocados por el fenómeno de "El Niño" afectaron la actividad anidatoria de las hembras de tortuga negra y las interacciones reproductivas de copula y cortejo, lo cual tuvo consecuencias sobre PSO, como se reporta en poblaciones de *C. mydas* en Australia. Los resultados obtenidos en este trabajo podrán ser comparados con años normales (sin "El Niño"), para evaluar los impactos que este fenómeno genera en la ecología reproductiva de las poblaciones de *Chelonia* en la región del Pacífico oriental.

Agradecimientos. Agradecimientos al grupo tortuguero de Colola, Capital mundial de la tortuga negra A.C., por las facilidades otorgadas para la realización de este trabajo. También queremos agradecer a See Turtle Org, por el financiamiento otorgado para llevar a cabo este proyecto.

Referencias.

- Emlen, S.T. & Oring, L. W. 1977. "Ecology, sexual selection, and the evolution of mating systems". *Science* 197, 215–223. (doi:10.1126/science.327542).
- Martin P. & P. Bateson. 1993. "Measuring Behaviour. An introductory guide" (Segunda edición). Cambridge University Press.



EFECTO PROTECTOR DE *Pedococcus pentosaceus* Y *Bdellovibrio* sp. 22V EN CAMARÓN BLANCO (*Penaeus vannamei*) RETADO CON *Vibrio parahaemolyticus* IPNGS16

Maria Fernanda Lomeli-Álvarez, Antonio Luna-González*, Xianwu Guo, Ruth Escamilla-Montes, Genaro Diarte-Plata, Carlos Ligne Calderón-Vásquez
 aluna@ipn.mx
 CIIDIR Sinaloa

Palabras clave: probióticos, camarón blanco, AHPND, vibrio, bacterias ácido lácticas.

Introducción. La alta demanda del camarón blanco en el mercado de consumo y las tecnologías avanzadas, han llevado a la industria acuícola a cambiar drásticamente a sistemas de cultivo más intensivos para aumentar los rendimientos, lo que amenaza la salud de los organismos debido al estrés que se pueda generar (2). La enfermedad de la necrosis hepatopancreática aguda (AHPND), causada por *V. parahaemolyticus*, surgió como una enfermedad destructiva y debilitante en las especies de camarones en cultivo, causando la muerte masiva y grandes pérdidas económicas. Las bacterias probióticas se consideran como alternativas efectivas y benéficas para mejorar el sistema inmune, supervivencia contra patógenos, crecimiento en peso y talla, mejoras y modificaciones en la calidad de agua y la microbiota intestinal del hospedero (3).

Metodología. Se caracterizaron bioquímicamente 4 aislados de *P. pentosaceus* del cepario del Laboratorio de Bioquímica y Biología Molecular de CIIDIR Sinaloa (Hemólisis, biofilm, catalasa, autoagregación y coagregación, capacidad de crecimiento en diferentes concentraciones de salinidad y pH, tinción de Gram, antagonismo, antibiograma, adhesión a solventes, cinética de crecimiento, UFC/mL y actividad enzimática extracelular). Se realizó un bioensayo de 22 d para determinar el crecimiento y supervivencia del camarón blanco tratado con *P. pentosaceus* en el agua del sistema de cultivo y retado con *V. parahaemolyticus* IPNGS16. Se utilizaron camarones con un peso promedio de 110 ± 0.1 mg. Se utilizaron cubetas de plástico cilíndricas (6 L) con 5 L de agua de mar filtrada (20 μ m) a 30 ups de salinidad, aeración constante y se alimentaron 3 veces al día con Camaronina (Purina®, México, 35 % de proteína), calculando la cantidad de alimento de acuerdo a la biomasa de los camarones. Se colocaron 12 camarones por tina y los tratamientos fueron por triplicado. En el día 22 se realizó el desafío con *Vibrio*.

Resultados y discusión. Los aislados (BALSC28, BALSC29, BALSC33 y BALSC34) presentaron hemólisis gamma, alta tolerancia a la salinidad y pH, alto potencial de adhesión, formación de biopelículas, autoagregación y resistencia a diferentes antibióticos. Los valores de la tasa de crecimiento específico de *P. vannamei* más altos se presentaron en el TIII (8.99 ± 0.40 %) y TIV (8.91 ± 0.10 %) y el más bajo en el TV (7.68 ± 0.54 %). No se presentaron diferencias significativas entre los tratamientos ($F_{5,12} = 1.522$, $p = 0.2548$). La mayor supervivencia se obtuvo en los tratamientos TV (58.33 ± 2.08 %) y TVI (58.33 ± 2.08 %) y la menor en el TIII (13.88 ± 0.88 %). No se presentaron diferencias significativas entre los tratamientos ($F_{5,12} = 1.7324$, $p = 0.20175$). Lo anterior, difiere con lo encontrado por Adel *et al.* (2017) en camarones alimentados con dietas con diferentes concentraciones de *P. pentosaceus* y retados con *Vibrio*

anguillarum. Los autores mencionan un aumento significativo en el crecimiento, la tasa de supervivencia retado con *V. anguillarum*, la inmunidad y la actividad de enzimas digestivas (proteasas y amilasas).

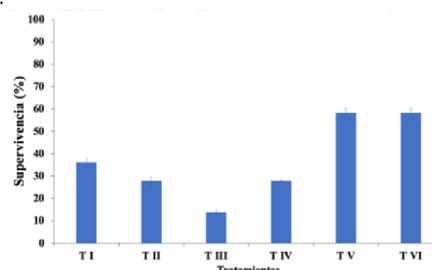


Figura 1. Supervivencia de *P. vannamei* cultivado en el laboratorio. Tratamientos: T I) Alimento Comercial (AC); T II) AC + BALVHP2 (3×10^6 UFC/L); T III) AC + BALCS28 (3×10^6 UFC/L); T IV) AC + BALCS29 (3×10^6 UFC/L); T V) AC + BALCS33 (3×10^6 UFC/L); T VI) AC + Mezcla de BALCS28 + BALCS29 (3×10^6 UFC/L). Los valores se presentan como promedio \pm E.E.

Conclusiones y perspectivas. Las bacterias benéficas (*P. pentosaceus*), tienen potencial probiótico al aumentar la tasa de supervivencia contra *V. parahaemolyticus* en *P. vannamei*. Se espera obtener un efecto protector contra patógenos y un cambio en el crecimiento utilizando microencapsulados por la técnica de secado por aspersión para lograr que el probiótico llegue a colonizar el tracto digestivo y así ejercer su efecto.

Agradecimientos. Trabajo financiado por proyecto SIP 20240436

Referencias. 1- Adel, M., Yeganeh, S., Dawood, M. A. O., Safari, R., & Radhakrishnan, S. (2017). Effects of *Pedococcus pentosaceus* supplementation on growth performance, intestinal microflora and disease resistance of white shrimp, *Litopenaeus vannamei*. *Aquaculture Nutrition*, 23(6), 1401-1409.
 2- Wei, L. S., Goh, K. W., Abdul Hamid, N. K., Abdul Kari, Z., Wee, W., & Van Doan, H. (2022). A mini-review on co-supplementation of probiotics and medicinal herbs: Application in aquaculture. *Frontiers in Veterinary Science*, 9, 869564.
 3- Merrifield, D. L., Dimitroglou, A., Foey, A., Davies, S. J., Baker, R. T. M., Bøgwald, J., Castex, M., & Ringø, E. (2010). The current status and future focus of probiotic and prebiotic applications for salmonids. *Aquaculture*, 302(1), 1-18.



EFECTO DE *Bacillus licheniformis* PPL2016 MICROENCAPSULADO EN EL CRECIMIENTO, SUPERVIVENCIA, MICROBIOTA INTESTINAL Y RESPUESTA INMUNE EN LA JAIBA AZUL *Callinectes arcuatus* (ORDWAY, 1863) RETADO CON *Vibrio harveyi* REM2016

Luis A. Cota-Gastélum, Genaro Diarte-Plata*, Miguel A. Reyes-López, Ruth Escamilla-Montes, Antonio Luna-González, Carlos L. Calderón-Vázquez.

*Instituto Politécnico Nacional, Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional (CIIDIR), Unidad Sinaloa, Guasave, 81101, Sinaloa, México, celular: 687-105-42-09, gdiarte@ipn.mx

Palabras clave: Probióticos, Microencapsulación, *Bacillus licheniformis*, Microbiota, Respuesta inmune, *Callinectes arcuatus*,

CIIDIR Sinaloa

Introducción. Un probiótico tiene un papel fundamental en el desarrollo de una mejor función intestinal. Siendo sensibles a condiciones ambientales afectando su viabilidad. Por ello, se requieren condiciones para protegerlo y asegurar la supervivencia y eficacia cuando se añaden a alimentos, lograr su liberación en el intestino y así ejercer su función. Una opción es la microencapsulación (1). Por ello, el objetivo del proyecto es evaluar el efecto de la liberación en el sistema digestivo de la jaiba azul *Callinectes arcuatus* mediante la microencapsulación del probiótico *Bacillus licheniformis* PPL2016.

Metodología. Se utilizó una cepa bacteriana aislado de la jaiba *Callinectes bellicosus* para su microencapsulación. La cepa se caracterizó bioquímicamente (2). Las microcápsulas se prepararon mediante la técnica de gelificación iónica (1). Se caracterizó la viabilidad y eficiencia del microencapsulado (2). Para la liberación *in vitro* del microencapsulado, se realizaron cinco bioensayos (uno a nivel especie, y cuatro por clase de edad y sexo), se obtuvieron tejidos responsables de la digestión (estómago, hepatopáncreas e intestino), recuperando los extractos enzimáticos (EE) de cada tejido para someter las microcápsulas con *B. licheniformis* a los bioensayos *in vitro*. Se calculó y determinó el porcentaje de liberación de *B. licheniformis* en cada una de las etapas digestivas. Se realizó un bioensayo *in vivo* para evaluar la concentración (1, 2, 3 y 4 g de la microcápsula por kg de alimento inyectado en el filete de pescado de 1cm). Otro bioensayo *in vivo* para evaluar la frecuencia de aplicación (alimentando cada 1, 2, 3 o 4 días) del alimento tratado con la mejor concentración del bioensayo anterior. Se evaluó crecimiento, supervivencia, microbiota intestinal y respuesta inmune de la jaiba *C. arcuatus* en los bioensayos *in vivos*, y se retó con una cepa patógena de *Vibrio harveyi*. Las diferencias estadísticas entre las evaluaciones se determinaron mediante un ANDEVA de una vía ($p < 0.05$); una prueba Tukey determinó la naturaleza de las diferencias.

Resultados y discusión. La caracterización de *B. licheniformis*, presentó hemólisis gamma, no genera riesgo su uso, Gram +, formadora de esporas y biofilm, con autoagregación alta, capaz de adherirse al intestino de la jaiba, coagregación y antagonismo contra *Vibrio parahaemolyticus*, inhibiendo la adhesión de patógenos. Tolerancia a salinidades entre 0.5 a 5.0% (halófila); tolerante al pH entre 5 a 7, pudiendo sobrevivir a condiciones producidas por los ácidos orgánicos. Actividad enzimática positiva para proteasas y lipasas, ayudando a asimilar nutrientes eficientemente. La caracterización de las microcápsulas por gelificación iónica determinó formas esféricas, con superficie sin poros, tamaños desde 602 - 639 μm . Viabilidad de 80.2 % usando alginato de sodio al 2% (p/v), mejorando la estabilidad del probiótico. En los *in vitro* la mayor liberación en el EE del intestino se presentó en hembras adultas con un 85% y en machos juveniles

con un 95%, esto garantizó la colonización de *B. licheniformis* y beneficiarse del probiótico; comparado con los controles que en ninguna superó más del 18% de liberación. Para evaluar las concentraciones, la mejor tasa de crecimiento específico (TCE) se observó en el tratamiento con 1g de microcápsula por kg de alimento ($0.77 \pm 0.01\%$) y la mejor supervivencia del $79 \pm 0.05\%$ después de retado con *V. harveyi* con diferencias significativas respecto al control en ambos casos. Presentó diferencias significativas en la respuesta de la actividad de la fenoloxidasas (PO) y profenol oxidasas (ProPo) en el mismo tratamiento (0.0453 ± 0.001 y 0.058 ± 0.004 ABS respectivamente) demostrando una inhibición frente a patógenos y neutralizándolos. En la evaluación de las frecuencias de aplicación de microcápsula (el mejor del bioensayo de concentraciones, 1g/kg de alimento), la mejor TCE se observó en el tratamiento aplicado cada 4 días ($0.35 \pm 0.04\%$) y la mejor supervivencia del $81.25 \pm 5.1\%$ después de retado con *V. harveyi* con diferencias significativas respecto al control en ambos casos. Hubo diferencias significativas en la respuesta en la actividad de la PO y ProPo en el tratamiento de aplicación cada 4 días (0.044 ± 0.001 y 0.040 ± 0.002 ABS respectivamente). El análisis microbiológico en ambos *in vivo*, mostró baja presencia de *Vibrio* frente a los *Bacilos* respecto al control.

Conclusiones y perspectivas. La caracterización bioquímica de *B. licheniformis* confirma un potencial probiótico, por lo que evaluarlo en las liberaciones de los microencapsulados permitió determinar la eficiencia de la técnica por gelificación iónica a base de alginato de sodio al 2% (p/v), mejorando los porcentajes de supervivencia y liberación de los probióticos en el intestino de la jaiba *C. arcuatus*. La aplicación de 1g de microcápsula por kg de alimento cada 4 días demostró mejorar la TCE, supervivencia, e incluso mejoró la respuesta inmune frente a una cepa patógena (*V. harveyi*) en *C. arcuatus*. La caracterización del microencapsulado asegura el transporte de probióticos, incluso otros compuestos de interés para mejorar el rendimiento del desarrollo de la jaiba *C. arcuatus*.

Agradecimientos. Al Instituto Politécnico Nacional por el financiamiento para el desarrollo de esta investigación, mediante el proyecto de Innovación en el IPN 20232817.

Referencias.

- Calero, J., Sánchez, Y. F., Tórriz, R., Hernann, E., & López, K. (2008). Elaboración y Caracterización de microcápsulas gastro resistentes de Diclofenac obtenidas por Gelificación Iónica. *Universitas. Revista Científica de la UNAN-León.*, 2(1), 27-30.
- Escamilla-Montes, R., Luna-Gonzalez, A., del Carmen Flores-Miranda, M., Alvarez- Ruiz, P., Fierro-Coronado, J.A., Sánchez-Ortiz, A.C., Ávila-Leal, J., (2015). Isolation and characterization of potential probiotic bacteria suitable for mollusk larvae cultures. *Thai J. Vet. Med.* 45, 11.



EFFECTO DEL ESTRÉS TÉRMICO SOBRE LA FISIOLÓGÍA DEL RECONOCIMIENTO DE LA GESTACIÓN EN RUMIANTES.

Javier Alejandro Gómez Guzmán , Miguel Abraham Velázquez Cabrera , Gaspar Manuel Parra Bracamonte
gparra@ipn.mx
CBG Reynos

Palabras clave: Desarrollo embrionario, interferón tau, reconocimiento materno, estrés térmico.

Introducción. Durante el primer tercio de la gestación en rumiantes, se llevan a cabo importantes procesos como la implantación, placentación, crecimiento fetal, junto con actividades nucleares como la activación genómica, desmetilación y remetilación del genoma embrionario, la formación de linajes embrionarios y extraembrionarios multipotenciales (1). El estrés térmico (ET) tiene el potencial de alterar las interacciones entre el embrión y el útero, lo que consecuentemente comprometerá el establecimiento y desarrollo de la gestación (2). Por ello, estudiar el desarrollo embrionario en condiciones de ET en rumiantes ofrece la oportunidad de mitigar pérdidas económicas para los ganaderos, y sirve como modelo para comprender la señalización entre embrión y madre en otras especies (3). Investigar los efectos del ET durante el primer tercio de la gestación, principalmente factores asociados con la expresión de H3K27me3 y la expresión génica de Interferón tau podría mejorar la eficiencia reproductiva en bovinos y ovinos. Por lo tanto, el objetivo de este proyecto es estudiar los efectos del ET sobre aspectos fisiológicos específicos relacionados con el reconocimiento embrionario-materno de la gestación en rumiantes domésticos. **Metodología.** Se realizó una extensa revisión en las principales bases de datos para conocer el estado del arte acerca de los efectos del ET en la producción de embriones *in vitro*. Para la identificación de la expresión de H3K27me3 en embriones bovinos sometidos a ET, se realizó la producción de embriones *in vitro* partiendo de ovarios recolectados en una sala de sacrificio, de los cuales se obtuvieron ovocitos para maduración *in vitro* (IVM), fertilización *in vitro* (IVF) y cultivo *in vitro* (IVC). El tratamiento de ET fue adaptado de Amaral et al. (2020) en donde, a partir de 38.5 °C la temperatura sube cada 30 minutos 0.5 °C hasta llegar a 40.5 °C por 8 h. Finalizado IVC a las 44 h, se fijaron los embriones bovinos para iniciar con la Inmuntinción de H3K27me3 para la cual se utilizó como anticuerpo primario mouse Anti-H3K27me3 y como anticuerpo secundario goat anti-mouse Alexa 488 (Figura 1).

Resultados y discusión. Las implicaciones reproductivas son críticas durante el primer tercio de la gestación donde el estrés térmico altera el correcto desarrollo de los embriones y su supervivencia, lo que representa un factor que podría conducir a la pérdida precoz de la gestación. Existen evidencias que apoyan el impacto del ET en el desarrollo del ovocito y posteriormente en el embrión temprano, la mayoría de las investigaciones disponibles son para la especie bovina tal vez por el gran impacto económico que representan para los ganaderos en lugar de los pequeños rumiantes, es decir las ovejas. En condiciones de ET se pudo observar una disminución en la tasa de clivaje, así como en el porcentaje de embriones que alcanzaron la etapa de 2 a 4 células o que llegaron a un desarroll

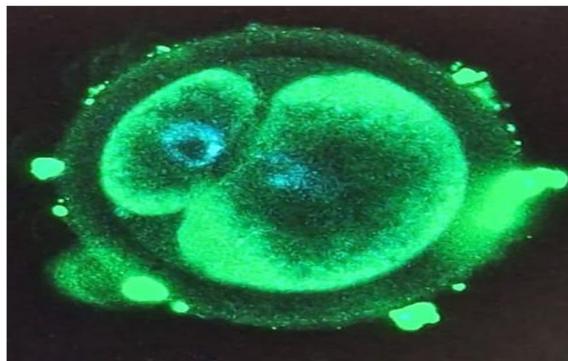


Figura 1. Embrión bovino en etapa de 2 células.

Conclusiones y perspectivas. El ET puede condicionar el rendimiento productivo y reproductivo en rumiantes domésticos, las mayores repercusiones están orientadas a los daños irreversibles causados durante reproducción, a través de los cambios hormonales en los ejes reproductores y los causados a embriones durante el reconocimiento materno de la gestación, que perjudican el desarrollo y la viabilidad embrionaria, lo que finalmente provocaría la pérdida de la gestación. Como perspectiva de este proyecto, se considera adecuado la realización de un modelo de ET *in vivo* para validar el efecto del estrés térmico en la expresión de genes asociados al reconocimiento de la gestación en rumiantes.

Agradecimientos. Al Dr. Miguel Velázquez por su invitación a la Newcastle University, al IPN y CONAHCYT por las becas otorgadas para la realización de este proyecto.

Referencias.

1. Canovas S, Cibelli SB, & Ross PJ. 2012. Jumoni domain-containing protein 3 regulates histone 3 lysine 27 methylation during bovine preimplantation development. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 109(7), 2400-2405.
2. Amaral CS, Koch J, Correa Júnior EE, Bertolin K, Mujica LK, Fiorenza MF, Rosa SG, Nogueira CW, Comim FV, Portela VVM, Gonçalves PBD & Antoniazzi AQ. 2020. Heat stress on oocyte or zygote compromises embryo development, impairs interferon tau production and increases reactive oxygen species and oxidative stress in bovine embryos produced *in vitro*. *Mol. Reprod. Dev.*, 87(8), 899-909.
3. Romero JJ, Liebig BE, Broeckling CD, Prenni JE & Hansen TR. 2017. Pregnancy-induced changes in metabolome and proteome in ovine uterine flushings. *Biol. Reprod.*, 97(2), 273-287.



DETERMINACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE TNF α E IL-10 EN UN MODELO MURINO ISQUÉMICO POR MEDIO DE BIOCENSORES BASADOS EN FIBRA ÓPTICA.

Brenda Vertti Cervantes, Georgina Beltrán Pérez, Marcos García Juárez, Raúl J. Delgado Macuil*.
 rdelgadam@ipn.mx
 CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: Biosensor óptico, Enfermedad Cerebrovascular isquémica, Rejilla de periodo largo, Interferómetro, TNF α , IL-10.

Introducción. La detección de biomarcadores mediante biosensores sin etiquetas ha generado interés, debido a su bajo costo y potencial para la detección rápida y en tiempo real de los analitos. Después de un accidente cerebrovascular (ECV) el monitoreo de biomarcadores puede proporcionar información valiosa sobre la extensión del daño cerebral y la progresión de la lesión [1], dentro de la gama de posibilidades, dos de los biomarcadores de interés podrían ser el factor proinflamatorio TNF α [2] y la IL-10 como factor antiinflamatorio [3], es importante mencionar que la mejor herramienta para estudiar la fisiopatología de isquemia son los modelos experimentales animales dado que permiten investigar la fisiopatología de la ECV isquémica y observar los diferentes mecanismos de lesión para llegar a un potencial sitio de tratamiento.

Planteamiento del problema. Las ECV están consideradas como la segunda causa de muerte a nivel mundial, además de causar discapacidad a largo plazo, actualmente el diagnóstico se realiza mediante interrogación y exploración física, sin considerar biomarcadores asociados con la severidad de la enfermedad.

Justificación. La generación de dispositivos biosensores basados en fibra óptica ofrecen una alternativa para el estudio del desarrollo de la ECV isquémica y determinación de la expresión de los diferentes biomarcadores relacionados con su evolución y gravedad; observar la expresión de proteínas como la TNF α e IL-10, las cuales están estrechamente relacionadas con la severidad de la ECV isquémica, podrían ser útiles para posteriores investigaciones asociadas al diagnóstico y elección del tratamiento más adecuado para la enfermedad.

Objetivo general. Determinar por medio de biosensores basados en fibra óptica con rejilla de periodo largo (RPL) e interferómetro, la expresión de TNF α e IL-10 en muestras de plasma sanguíneo y líquido cefalorraquídeo de un modelo murino isquémico.

Objetivos particulares.

- Generar biosensores basados en interferómetros formados por rejillas de periodo largo en fibras ópticas para la determinación de TNF α e IL-10 mediante la técnica de mono capas auto ensambladas.
- Determinar la expresión de TNF α e IL-10 en plasma sanguíneo y líquido cefalorraquídeo de modelo murino.
- Analizar el proceso de ensamblaje de los biosensores y la etapa de detección mediante espectroscopía micro IR, microscopía óptica y microscopía electrónica.
- Caracterizar los biosensores desarrollados; así como la detección de las proteínas mediante señales de transmisión y de reflexión, usando un analizador de espectros ópticos.

Estrategia metodológica. El desarrollo de este proyecto comprende cinco etapas, se utilizará fibra SMF-28 y se grabaran rejillas de periodo largo para la construcción de los interferómetros de Mach-Zendher (modo transmisión) y Michelson (modo de reflexión), una

vez obtenidos los espectros interferométricos se procederá a desarrollar el ensamblado del biosensor. Para este paso, se utilizará la técnica de monocapas autoensambladas, posteriormente se realizará la detección de la proteína usando muestras obtenidas de ratas macho Sprague Dawley, las cuales serán inducidas al proceso isquémico global agudo mediante el modelo de Pulsinelli. Las diferentes etapas serán caracterizadas con los espectros de transmisión y reflexión utilizando un analizador de espectros ópticos, mediante microscopía óptica, microscopía electrónica y micro espectroscopía IR en el modo MIR-ATR, finalmente se realizarán los análisis quimiométricos correspondientes.

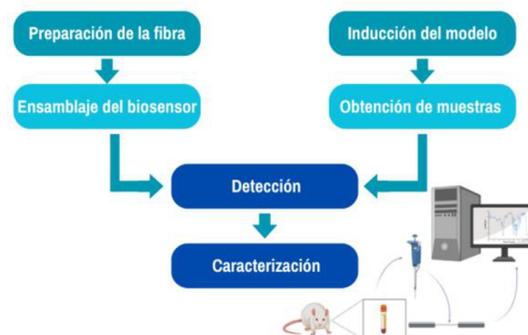


Figura 1. Representación esquemática de la metodología para el ensamblaje de biosensores y detección de TNF α e IL-10.

Resultados esperados. De acuerdo con trabajos previos realizados en el grupo de trabajo, se observarán cambios morfológicos en la superficie de la fibra, así como variaciones de potencia y corrimientos espectrales tanto en el modo transmisión como reflexión; en el caso del análisis con micro espectrometría IR se observará la presencia de bandas correspondientes a la unión de los diferentes grupos funcionales característicos de cada una de las etapas de ensamblaje del biosensor y la detección. En cuanto al análisis quimiométrico será posible realizar agrupamiento y clasificación de los datos obtenidos experimentalmente.

Referencias.

1. Couch C., Mallah K., Borucki D.M., Bonilha H. S. & Tomlinson S. "State of the science in inflammation and stroke recovery: A systematic review". *Ann Phys Rehabil Med* vol. 65 (2): 101546
2. Watters O. & O'Connor J. J., "A role for tumor necrosis factor- α in ischemia and ischemic preconditioning". *J Neuroinflammation*, vol. 8 (1): 87.
3. Zhu H., Hu S., Li Y., Sun Y, Xiong X., Hu X., Chen J. & Sheng Q. "Interleukins and Ischemic Stroke," *Frontiers in Immunology*, vol. (13):1-13.



ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO DEL EFECTO ANTIADIPOGÉNICO DE ISOARBORINOL EN ADIPOCITOS HUMANOS Y EFECTO SOBRE EL METABOLISMO DE LA GLUCOSA

Yesenia Arcos Reyes, María Esther Ramírez Moreno*, Gildardo Rivera Sánchez, Jorge Cornejo Garrido, Laurence Annie Marchat Marchau, Juan Santiago Salas Benito.
 estherramirezmoreno@yahoo.com

ENMH

Palabras clave: *Obesidad, adipogénesis, biomoléculas, transcriptoma, cultivo primario*

Introducción. El sobrepeso y la obesidad se definen como una acumulación anormal o excesiva de grasa que puede ser perjudicial para la salud (1). La obesidad es una enfermedad multifactorial y su incidencia ha aumentado a un ritmo alarmante en los últimos años, convirtiéndose así en un problema de salud mundial (2). Los tratamientos existentes para tratar la obesidad han resultado ser poco eficientes, destacando la necesidad de encontrar terapias alternativas, actualmente se está prestando mucha atención a compuesto de origen vegetal (3). El isoarborinol es un triterpeno pentacíclico, extraído de la planta *Petiveria alliacea*, que ha mostrado potencial antiadipogénico en preadipocitos de ratón (3T3-L1), pero no se ha estudiado su efecto sobre células humanas, por lo que en este trabajo se evaluará el efecto de isoarborinol sobre la diferenciación adipocítica en un cultivo primario proveniente de muestras humanas. El efecto antiadipogénico del compuesto se caracterizará mediante un análisis transcriptómico, a fin de evaluar las vías de señalización afectadas en las células después del tratamiento con isoarborinol.

Planteamiento del problema. En México más de 70% de la población padece sobrepeso u obesidad, esto nos posiciona en el segundo país con mayor prevalencia de obesidad en adultos y ocupamos el primer lugar en obesidad infantil. Esto lo convierte en un problema grave de salud pública, debido a que la obesidad está relacionada con el desarrollo de múltiples enfermedades, como dislipidemias, enfermedades hepáticas, cardíacas, diabetes tipo 2, etc. Los tratamientos actuales contra la obesidad son poco eficientes destacando la necesidad de encontrar terapias alternativas, por todo esto se confirmará el potencial antiadipogénico de isoarborinol en células humanas y se investigarán los probables mecanismos moleculares involucrados en su efecto antiadipogénico y su relación con el metabolismo de la glucosa.

Justificación. Los triterpenos pentacíclicos son importantes, representantes de los productos naturales que presentan una amplia variedad de actividades biológicas, por lo que son una fuente potencial de medicamentos para el tratamiento de diversas afecciones. El isoarborinol ha mostrado actividad antiadipogénica en células de ratón (3T3-L1) y aunque esta línea celular es un excelente modelo para evaluar la adipogénesis *in vitro*, el usar cultivos primarios de adipocitos extraídas de células humanas tiene aún más ventajas y conocer los mecanismos moleculares de este compuesto es un paso más para el desarrollo de nuevos fármacos contra la obesidad y la diabetes.

Objetivo general. Caracterizar el efecto antiadipogénico de isoarborinol en adipocitos humanos.

Objetivos particulares. Determinar la concentración anti adipogénica de isoarborinol en cultivo primario de adipocitos

humanos, analizar la expresión de genes relacionados con lipogénesis, lipólisis, inflamación y señalización de la insulina y validar los paneles de genes asociados a vías metabólicas desreguladas por isoarborinol.

Estrategia metodológica El tejido adiposo se obtendrá del abdomen de pacientes sometidos a una cirugía, los preadipocitos se obtendrán tratando las muestras con colagenasa, centrifugación y filtración, y con ellos se establecerá el cultivo primario. Se empleará diferentes concentraciones de isoarborinol para evaluar su toxicidad y se determinará la concentración no tóxica que inhiba la diferenciación. Los preadipocitos se someterán al proceso de diferenciación en ausencia o presencia de isoarborinol, se hará el análisis transcriptómico, mediante secuenciación Illumina NovaSeq y se realizan ensayos de RT-PCR, Western blot y silenciamiento como ensayos de validación.

Resultados esperados. Encontrar la concentración antiadipogénica de isoarborinol en cultivo primario de adipocitos humanos y encontrar genes que están siendo modulados al tratar células de adipocitos humanos con isoarborinol.

Referencias.

1. Ofei F. (2005). Obesity - a preventable disease. *Ghana medical journal*, 39(3), 98–101.
2. Jaacks, L. M., Vandevijvere, S., Pan, A., McGowan, C. J., Wallace, C., Imamura, F., Mozaffarian, D., Swinburn, B., & Ezzati, M. (2019). The obesity transition: stages of the global epidemic. *The lancet. Diabetes & endocrinology*, 7(3), 231–240. [https://doi.org/10.1016/S2213-8587\(19\)30026-9](https://doi.org/10.1016/S2213-8587(19)30026-9).
3. Sun, N. N., Wu, T. Y., & Chau, C. F. (2016). Natural Dietary and Herbal Products in Anti-Obesity Treatment. *Molecules*, 21(10), 1351. <https://doi.org/10.3390/molecules21101351>.



EVALUACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE *SERT*, *OCT3*, *TPH1* Y *MAOA* EN PLACENTA DE RATAS TRATADAS CON FLUOXETINA.

Jorge Eduardo Sifuentes-García, Aracely Chávez Piña, *Martha Sosa-Macias.

e-mail: sosa.martha@gmail.com

CIIDIR Durango

Palabras clave: Fluoxetina, placenta, serotonina, embarazo.

Introducción. La depresión es un trastorno frecuente que afecta aproximadamente al 20% de las mujeres embarazadas. Los fármacos de primera línea utilizados para su tratamiento son los inhibidores selectivos de la recaptación de serotonina (ISRS), como la fluoxetina (1). La exposición in útero a fluoxetina se ha relacionado con disfunciones neurológicas en el recién nacido (2). Se ha sugerido que la fluoxetina tiene el potencial de afectar los niveles de serotonina (5-HT) en la placenta y el feto, en dosis terapéuticas y dependiente del sexo (1). La homeostasis de 5-HT en la placenta es regulada por enzimas encargadas de su síntesis (triptófano hidroxilasa 1, TPH1), degradación (monoamino oxidasa A, MAO-A), y transporte a través de SERT/SLC6A4 y OCT3/SLC22A3 que captan 5-HT de la circulación materna y fetal, respectivamente (3). En objetivo de estudio es evaluar el efecto de la fluoxetina sobre la expresión de los genes involucrados en la homeostasis placentaria de serotonina en un modelo de rata.

Metodología. Se evaluaron ratas preñadas de la sepa Wistar en los días gestacionales (DG) 11, 16 y 20. Se incluyeron 10 ratas por DG: 5 ratas control (agua) y 5 ratas expuestas (2.06 mg/kg de fluoxetina) con administración oral/ 24 horas. Se obtuvieron los parámetros somatométricos de fetos y placentas en cada DG. Posteriormente, se evaluó la expresión transcripcional de los genes *Slc6a4*, *Slc22a3*, *Tph1* y *Mao-a* a nivel placentario, con sondas PrimeTime™ Predesigned qPCR Assays de IDT™.

Resultados y discusión.

En el DG20, el peso, talla y diámetro fetal fueron menores en el grupo expuesto a fluoxetina que en grupo control ($p < 0.001$) (Figura 1). En el DG 16 solo la longitud de la cola de los fetos disminuyó en el grupo expuesto ($p = 0.002$), y en este mismo grupo la talla fue menor que en los controles en el DG11 ($p = 0.008$). Los resultados coinciden con lo observado en recién nacidos expuestos prenatalmente a ISRS, quienes presentaron bajo peso al nacimiento (4). En la placenta, el peso, diámetro y grosor disminuyeron en el grupo expuesto del DG11 con respecto al control ($p < 0.05$). En el DG 16 no hubo diferencias entre los grupos y en el DG 20 solo el grosor de la placenta fue menor en el grupo expuesto que en el control ($p = 0.005$). La índice placenta/feto (gr) fue mayor en el grupo expuesto al fármaco ($p = 0.001$) que en el grupo control.

La expresión de *Tph1* solo se observó en el DG 11 en el grupo expuesto, mientras que *Mao-a* se observó en todos los DG y disminuyó significativamente por fluoxetina en el DG 20 ($p = 0.028$) (Figura 1). La expresión de *Slc6a4* y *Slc22a3* no fue diferente entre los grupos expuestos y los grupos control (Figura 1). Lo menor expresión de *Mao-a* al final del embarazo podría aumentar los niveles de serotonina placentaria, la cual se sabe que puede promover la vasoconstricción (5) y por tanto, un menor aporte de nutrientes al feto. Lo anterior podría explicar la disminución de los parámetros somatométricos fetales en los grupos expuestos a fluoxetina en el DG20.

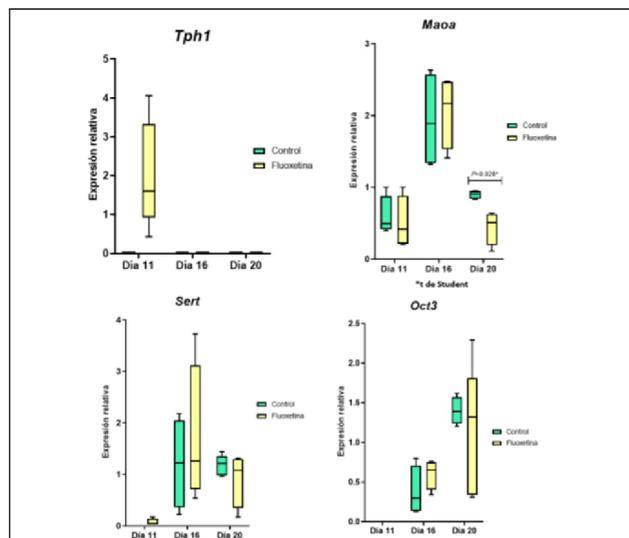


Figura 1. Expresión relativa de los genes *Tph1*, *Maa*, *Sert* y *Oct3* a nivel placentario.

Conclusiones y perspectivas. De acuerdo con los resultados obtenidos se puede inferir que la fluoxetina está condicionando el desarrollo fetal al influir en los niveles de expresión del gen *Maoa*. Se esperan confirmar estos resultados al llevar a cabo los ensayos de expresión proteica. Además, se cuantificarán los niveles de serotonina fetal y placentaria, así como los niveles plasmáticos de fluoxetina materna.

Agradecimientos. A CONAHCYT por la beca, CVU: 1061083

Referencias. - 1. Horackova H, et al. 2021. Effect of selected antidepressants on placental homeostasis of serotonin: maternal and fetal perspectives. *Pharmaceutics*. 13(8):1306.

-2. Bonnin A, Levitt P. Placental source for 5-HT that tunes fetal brain development. *Neuropsychopharmacology*. 2012;37(1):299.

-3. Karahoda, R, et al. 2020. Serotonin homeostasis in the maternal-foetal interface at term: Role of transporters (SERT/SLC6A4 and OCT3/SLC22A3) and monoamine oxidase A (MAO-A) in uptake and degradation of serotonin by human and rat term placenta. *Acta Physiologica*. 229(4), e13478.

-4. Simon G. E., M. L. Cunningham, and R. L. Davis, 2002 Outcomes of prenatal antidepressant exposure. *Am. J. Psychiatry* 159: 2055–2061.

-5. Morrison JL, Chien C, Riggs KW, Gruber N, Rurak D. Effect of maternal fluoxetine administration on uterine blood flow, fetal blood gas status, and growth. *Pediatr Res*. 2002;51(4):433–42.



DESARROLLO DE UNA TERAPIA ANTIOXIDANTE DE MANTENIMIENTO MEDIANTE UNA FORMULACIÓN POLIFENÓLICA PARA EL TRATAMIENTO DEL EVC ISQUÉMICO: EVALUACIÓN CLÍNICA Y MOLECULAR DE SUS MECANISMOS DE ACCIÓN

Gómez López Rosenda, Reyes López Miguel Ángel, Pérez Ishiwara David Guillermo*

ishiwaramx@yahoo.com.mx

Palabras clave: Enfermedad, Cerebrovascular, Isquémica, antioxidantes, polifenoles.

ENMH

Introducción. La enfermedad cerebrovascular (EVC) de tipo isquémico es la segunda causa de muerte a nivel mundial; en México se presentan más de 170 mil casos al año. Después de un infarto cerebral se pierden casi 2 millones de neuronas por minuto¹, producto del estrés oxidativo que genera la muerte celular durante la isquemia y después de la reperusión². El tratamiento de elección es la trombólisis con alteplase, que ha demostrado beneficios en 1 de cada 4-5 personas, en los primeros 90 minutos. Sin embargo, el riesgo de evolución a un EVC hemorrágico y la aparición de las secuelas propias de la enfermedad permanecen latentes en el 25-50% de la población que sufre EVC. Por ello, es necesario desarrollar terapias coadyuvantes dirigidas a mitigar los procesos inflamatorios y degenerativos posteriores a la enfermedad cerebrovascular que puedan ser empleadas como tratamientos de soporte desde el corto al largo plazo.

Metodología. En trabajos previos, se identificó el efecto benéfico del extracto de *Bacopa procumbens* en el tratamiento del EVC isquémico agudo; Motivo por el cual realizamos un análisis *in silico* para identificar los metabolitos constituyentes del extracto con más alta probabilidad de poder aminorar los efectos neurodegenerativos de la EVC mediante las plataformas *Swiss Target Prediction*, *Similarity Ensemble Approach* y *National Center for Biotechnology Information*. Se seleccionaron 4 polifenoles para ser parte de la formulación de mantenimiento post-EVC de acuerdo con la información obtenida en la plataforma *Open Target*. De manera paralela, para enriquecer la formulación se sometieron al mismo cribado virtual 1333 polifenoles de la plataforma *Natural Product Activity and Species Source Database*; de los cuales se seleccionaron 2 metabolitos que no se encuentran en el extracto de *B. procumbens*. El modelo experimental de EVC desarrollado fue la oclusión de la arteria cerebral media (MCAO por sus siglas en inglés); con la formulación de los 6 polifenoles se proporcionaron 3 dosis de tratamiento a las 0, 48 y 96 h posterior a la inducción de MCAO, la primera dosis se proporcionó después de la reperusión.

Resultados y discusión. Se seleccionaron los 4 polifenoles de *B. procumbens* (Cuadro 1) cuya predicción *in silico* demostró que actúan con blancos moleculares importantes en el desarrollo del EVC isquémico. A la formulación, se añadieron 2 polifenoles seleccionados con la misma estrategia los cuales interactúan con blancos moleculares diferentes. De los 6 componentes de la formulación el componente 1, 3, 5 y 6 han sido usados con éxito en modelos *in vivo* en el tratamiento del infarto cerebral.

Tabla 1. Componentes de la formulación para el tratamiento crónico de la EVC.

Componente	Concentración (mg/kg)
Metabolito 1	29.2*

Metabolito 2	8.2*
Metabolito 3	5.6*
Metabolito 4	5.0*
Metabolito 5	30**
Metabolito 6	25***

*Concentración presente por cada 100 mg de extracto *B. procumbens*;

** Wang R. *et al.* 2014, Xue R. *et al.* 2022, Dong-ju P, *et al.* 2019;

*** Li, S. *et al.* 2012, Chuan H. *et al.* 2015.

Las ratas tratadas con la formulación demostraron disminuir el infarto cerebral, de manera estadísticamente significativa, en comparación con el grupo sin tratamiento y el grupo tratado con *B. procumbens*. El porcentaje de infarto observado en el control farmacológico (20.07%), Edaravone, es menor en comparación con el grupo sin tratamiento (33.38%) e incluso, menor en comparación con el grupo tratado con la formulación (26.95%).

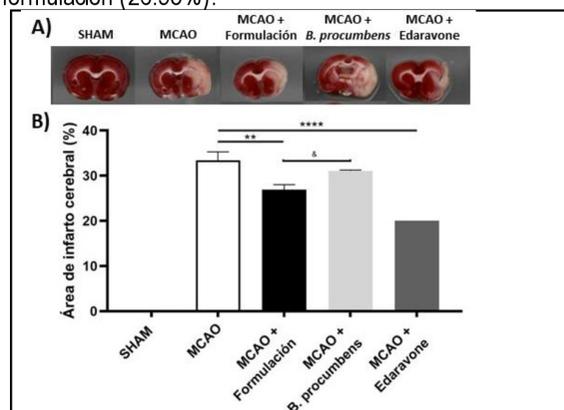


Figura 1. A) Cortes cerebrales coronales teñidos con cloruro de tetrazolio de los diferentes grupos experimentales. B) Gráfica del porcentaje de infarto cerebral al día 6 en los distintos grupos experimentales. ** $p < 0.005$, **** $p < 0.0001$ vs MCAO; y & $p < 0.05$ vs MCAO + *B. procumbens*.

Conclusiones y perspectivas. Nuestros resultados sugieren que el uso terapéutico de la formulación mitiga la evolución del área de infarto posterior a la lesión isquémica. La administración de la formulación, con dosis de mantenimiento cada 48 horas hasta el día 6, demostró un mejor efecto anti isquémico en comparación con el extracto de *B. procumbens*. Actualmente estamos realizando las pruebas histológicas, así como la identificación de las proteínas que están participando en el mecanismo de acción de la formulación.

Referencias: 1.- Saver J. L. (2006). Time is brain—quantified. *Stroke*, 37(1), 263–266; 2.- Wu L, Xiong X, Wu X, Ye Y, Jian Z, Zhi Z and Gu L (2020) Targeting Oxidative Stress and Inflammation to Prevent Ischemia-Reperfusion Injury. *Front. Mol. Neurosci.* 13:28.



APLICACIÓN Y VALIDACIÓN DE DOS BIOCENSORES ÓPTICOS PARA LA DETECCIÓN DE *Escherichia coli* UROPATOGENA AISLADA DE PACIENTES PEDIÁTRICOS

Isabel Gudelia Vazquez Gutierrez, Abdú Orduña Díaz*, Miguel Ángel Reyes López, Juan Xicohtencatl Cortes.

Instituto Politécnico Nacional (IPN)- CIBA, Ex Hacienda San Juan Molino Carretera Estatal Tecuexcomac -Tepetitla Km 1.5, Tlaxcala C.P. 90700, México, 01 55 57 29 60 00 Ext. 87826, abdueve@hotmail.com.

Palabras clave: Biosensor, AuNPs, UPEC

CIBA-Tlaxcala

Introducción. Las infecciones del tracto urinario (ITUs) son causantes de morbilidad y de condiciones médicas crónicas en niños.¹ *Escherichia coli* uropatogénica (UPEC) es el principal agente causal de las ITUs (75-95%), esto se debe a que posee diversos factores de virulencia, como la fimbria tipo P que expresa la proteína PapG.^{2,3} Identificar, monitorear y diagnosticar este patógeno de manera rápida y efectiva es esencial para brindar un tratamiento adecuado y erradicar la infección. El uso de biosensores ópticos con nanopartículas de oro (AuNPs) pueden ser una herramienta alterna para su detección. En este contexto, el objetivo de este trabajo es desarrollar y aplicar dos biosensores con AuNPs, uno para detectar UPEC en muestras de orina y el segundo para detectar anticuerpos contra la proteína PapG en suero de pacientes pediátricos del Hospital Infantil de México Federico Gómez (HIMFG).

Metodología.

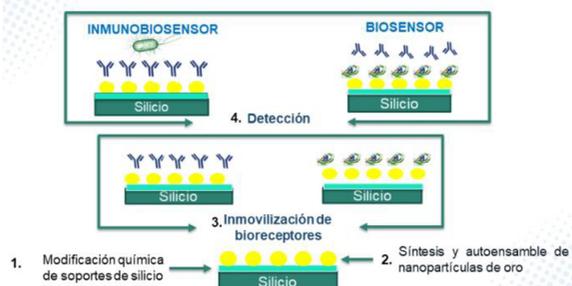


Figura 1. Estrategia metodológica.

Resultados y discusión. El análisis de la composición química y estructural de los soportes de silicio por FTIR mostró bandas características del silicio, dos bandas de Si-O (730 cm^{-1} y 1106 cm^{-1}) y Si-Si (612 cm^{-1}). Respecto a los grupos funcionales generados con el APTMS se observaron bandas de los enlaces Si-O-Si (1109 cm^{-1}), C-N (1310 cm^{-1}), C-H (1380 cm^{-1}), Si-C (1445 cm^{-1}) y del grupo amino (1584 cm^{-1}). El análisis por FTIR del autoensamble de las AuNPs mostró dos bandas asociadas a estas mismas que pertenecen a los carboxilatos (1590 cm^{-1} y 1399 cm^{-1}). El espectro Raman del autoensamble de las AuNPs exhibe vibraciones de los enlaces $\nu(\text{CH})$ (1605 cm^{-1} y 1340 cm^{-1}), NH_3^+ (1605 cm^{-1}) y COO^- (1340 cm^{-1}). Los análisis FTIR de la inmovilización de la proteína PapG mostraron bandas de la Amida II (1573 cm^{-1}), la Amida I (1625 cm^{-1}) y C=O (1795 cm^{-1}), mientras que en el análisis Raman se observó una banda de los enlaces C-S (444 cm^{-1}), la amida III ($1210 - 1350\text{ cm}^{-1}$), los C-H (1325 cm^{-1}), la amida II ($1500 - 1600\text{ cm}^{-1}$) y la amida I ($1600 - 1750\text{ cm}^{-1}$). Los espectros FTIR de la inmovilización de los anticuerpos mostraron cuatro bandas asociadas a la inmovilización de ellas pertenecientes a los enlaces C-N (1307 cm^{-1} y 1450 cm^{-1}) y dos

relacionadas a la estructura de los anticuerpos como la amida I (1643 cm^{-1}) y la amida II (1548 cm^{-1}). Por otra parte, los espectros Raman mostraron las siguientes bandas: triptófano (418 cm^{-1}), C-S (444 cm^{-1} y 717 cm^{-1}), C-N (1048 cm^{-1} y 1131 cm^{-1}), CH_2 (1434 cm^{-1}) y amida I (1600 a 1750 cm^{-1}).

Los espectros de la detección de la proteína PapG por FTIR mostraron bandas asociadas a la Amida I (1229 a 1301 cm^{-1}) y a los enlaces C=O (1728 cm^{-1}). Los espectros Raman mostraron bandas asociadas a la tirosina (856 cm^{-1}), triptófano (898 cm^{-1}), C-C-N (945 cm^{-1}) y C-N (1173 cm^{-1}). Los espectros de la detección de los anticuerpos (anti-PapG) por FTIR mostraron la banda de la Amida II (1513 cm^{-1}), mientras que los espectros Raman mostraron bandas de los enlaces C-S (663 cm^{-1} y 738 cm^{-1}), tirosina (853 cm^{-1}), CH_2/CH_3 (1458 cm^{-1}) y COO^- (1595 cm^{-1}).

Conclusiones y perspectivas. En este estudio se logró desarrollar dos biosensores ópticos con el uso de AuNPs para la detección de UPEC. Los análisis por espectroscopia Raman y FTIR mostraron la presencia de nuevas bandas relacionadas a cada una de las etapas del desarrollo de cada biosensor. Estos datos dan pauta a la continuación de los siguientes objetivos para la validación de los dos biosensores mismos que involucran la determinación de sensibilidad, especificidad y vida útil, así como su aplicación en muestras biológicas.

Agradecimientos. Al Instituto Politécnico Nacional (IPN), al Hospital Infantil de México Federico Gómez (HIMFG), al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCYT) y al proyecto SIP 20230964 por el apoyo en infraestructura y financiamiento para el desarrollo de este proyecto.

Referencias.

- López Martínez, B., Calderon Jaimes, E., Olivar López, V., Parra Ortega, I., Alcázar López, V., Castellanos Cruz, M., & Garza López, A. (2014). Susceptibilidad antimicrobiana de microorganismos causantes de infección de vías urinarias bajas en un hospital pediátrico. *Bol Med Hosp Infant Mex.* 339-345.
- Belmont-Monroy L, Ribas-Aparicio RM, González-Villalobos E, Pérez-Ramos JA, Aparicio-Ozores G, Eslava-Campos CA, Hernández-Chiñas U, Aquino-Andrade A, Balcázar JL, Molina-López J. (2022). Molecular typification of *Escherichia coli* from community-acquired urinary tract infections in Mexico. *Int J Antimicrob Agents.* Oct;60(4):106667.
- Ballesteros-Monreal MG, Mendez-Pfeiffer P, Barrios-Villa E, Arenas-Hernández MMP, Enciso-Martínez Y, Sepúlveda-Moreno CO, Bolado-Martínez E, Valencia D. (2023) Uropathogenic *Escherichia coli* in Mexico, an Overview of Virulence and Resistance Determinants: Systematic Review and Meta-analysis. *Arch Med Res.* Apr;54(3):247-260.



APROVECHAMIENTO INTEGRAL DE PULPA DE CAFÉ: DESARROLLO DE UN BIOCOMPOSITO PREBIÓTICO CON EFECTO ANTIHIPERTENSIVO.

Pobeda Xítlali Martínez Romero, Rosalva Mora Escobedo*, Vanessa Blas Valdivia.

*rosalmorae@gmail.com

ENCB

Palabras clave: *Biocomposito, pulpa de café, residuos agroindustriales.*

Introducción. La pulpa del café (PC) es un desecho agroindustrial que representa aproximadamente un 42% del peso total del fruto, este es el desecho de mayor importancia en el beneficiado el cual origina contaminación ambiental debido al pH ácido de la pulpa acidificando los suelos, además de la emisión de gases como el CH₄ y el N₂O resultantes de la fermentación de la pulpa (2), por lo que es imperativo buscar alternativas para su uso y con ello aportar un valor de este subproducto. Alara *et al.*, reporta que la pulpa de café contiene componentes bioactivos como compuestos fenólicos, los cuales pueden aportar beneficios a la salud. Por lo que el objetivo del presente trabajo es el aprovechamiento integral de la pulpa de café para la elaboración de biocomposito prebiótico con actividad antihipertensiva en un modelo animal.

Metodología. La PC fue otorgada por Café Finca Don Juan® el cultivo se encuentra en Monte Blanco, Fortín, Veracruz, Mex. A 1200 m s. n. m. (metros sobre el nivel del mar). A continuación, se muestra un diagrama general de la metodología.

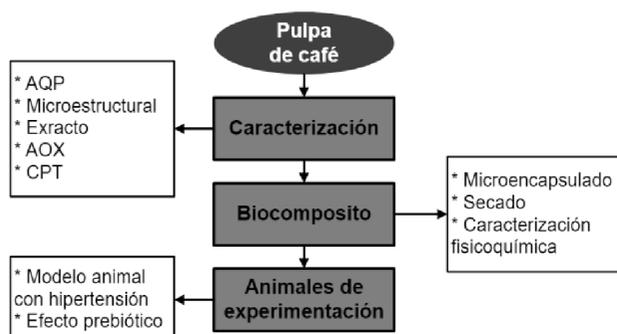


Figura 1. Descripción general de la metodología. Creación propia.

Resultados y discusión. Se realizó el análisis fisicoquímico de la PC, encontrando en mayor proporción fibra dietaria total ($52.62 \pm 0.86\%$); la fibra insoluble, está constituida por celulosa (16.81%), lignina (6.89 %) y la hemicelulosa (2.66 %); y la fibra soluble, equivale al 26 % aproximadamente esta podría estar constituida por pectina y oligosacáridos. El contenido de cenizas fue de $31.45 \% \pm 0.04$, la proteína $8.37 \% \pm 0.18$, extracto etéreo $1.12 \% \pm 0.02$.

Mediante espectrometría de fotoelectrones inducidos por rayos X (XPS), se determinó la proporción de algunos elementos en la pulpa de café (cuadro 1), encontrándose minerales como el K, P y Ca.

Cuadro 1. Proporción de elementos en la pulpa de café.

Elemento	C	O	K	N	Si	P	Ca
Peso %	66.5	28.4	1.6	1.4	1.2	0.4	0.4

Además de estos componentes la literatura reporta que en la PC se encuentran compuestos bioactivos como los polifenoles, los cuales

tienen un efecto benéfico para la salud de quien los consume. La extracción de los polifenoles se realizó por infusión y con sonicación. El contenido de polifenoles varió de 287.29 a 693.18 mg GAE/g DW (miligramos de ácido gálico equivalente por gramo de peso seco) por infusión y sonicación respectivamente. Por lo tanto, la extracción de estos compuestos se realizará utilizando sonicación. Estos compuestos tienen la propiedad de fluorescer es por ello que para analizar la eficiencia de los extractos se asistió a microscopía confocal. En la Figura 2 (A), se observa la fluorescencia de la muestra de café previa a la extracción mientras que la (B), representa la fluorescencia de la PC posterior a la extracción, basándose en la atenuada fluorescencia, es posible decir que se haya obtenido una cantidad importante de los compuestos de interés para el presente trabajo.

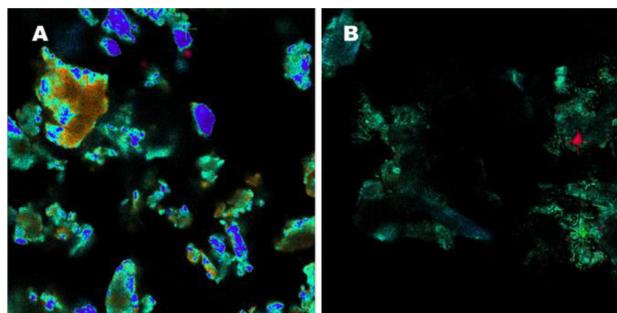


Figura 1. Microscopía confocal de pulpa de café. A) Imagen PC seca; B) Imagen PC extracto en sonicación.

Conclusiones y perspectivas. Con base en los resultados, se podría decir que el desecho agroindustrial de café es posible utilizarse como fuente de polifenoles. Como perspectivas, se espera que se realice el biocomposito y este pueda tener actividad antihipertensiva en un modelo animal.

Agradecimientos. Al Laboratorio Multidisciplinario de Caracterización de Materiales y Nanoestructuras (LMCMN). Al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencia y Tecnología (CONAHCYT).

Referencias.

- Alara, O. R., Abdurahman, N. H., & Ukaegbu, C. I. (2021). Extraction of phenolic compounds: A review. *Current research in food science*, 4, 200-214.
- Marín-Tello, C., Zelada-Castillo, L., Vásquez-Arqueros, A., Vieira, A., & Siche, R. (2020). Coffee Pulp: An Industrial By-product with Uses in Agriculture, Nutrition and Biotechnology. *Reviews in Agricultural Science*, 8, 323–342. https://doi.org/10.7831/ras.8.0_323.



IDENTIFICACIÓN DE LA FUNCIONALIDAD DE VARIACIONES NUCLEOTÍDICAS EN EL GEN ADORA2A Y SU ASOCIACIÓN CON PREECLAMPSIA

Perla Irasema Valenzuela Torres, Carlos Galaviz Hernández*, Carlos Escudero Orozco, Martha Sosa Macias, Ismael Lares Assef, Laurence Marchat Marchau.

* Correspondencia: Dr. Carlos Galaviz Hernández. Teléfono: 618 8142091 ext 82642, fax 618 8144540. Email: carlosgalavizhernandez55@gmail.com

CIIDIR Durango

Palabras clave: preeclampsia, adenosina, adora 2 a, variaciones nucleotídicas.

Introducción. La preeclampsia (PE) es una enfermedad de la mujer embarazada, que presenta hipertensión y proteinuria. Tiene altos índices de morbi-mortalidad materna y fetal. Se ha descrito que las pacientes con PE, presentan niveles elevados de Adenosina, el cual interactúa con diferentes receptores, uno de ellos ADORA2A, el cual inicia una cascada de señalización al interior de la célula para fomentar angiogénesis. Se desconoce si la presencia de variaciones de un solo nucleótido (SNV) del gen ADORA2A (A2A), podrían estar involucradas en la funcionalidad del receptor. A pesar de que la placenta es la pieza central en el desarrollo de la preeclampsia, la mayoría de los estudios en la enfermedad se han centrado en la identificación de marcadores en la circulación materna. Por lo anterior, el objetivo del estudio es Identificar la funcionalidad de variaciones nucleotídicas placentarias en el gen receptor de adenosina ADORA2A y su asociación con preeclampsia.

Metodología. El Comité de Ética local aprobó este estudio de caso (mujeres con EP, n=50) y control (mujeres embarazadas sanas, n=50) (número de registro 596/022). La PE se clasificó en temprana y tardía. Se utilizó ADN placentario para evaluar cinco SNV en ADORA2A: rs2298383, rs4822489, rs2236624, rs8192446 y rs17650937 mediante PCR en tiempo real utilizando sondas TaqMan. La expresión génica se evaluó en RNAm placentario de 10 mujeres embarazadas sanas y 10 mujeres con PE usando SYBRGreen. La expresión proteica se verificó a través de Western-blot en placentas de 13 embarazos sanos y 15 con PE, se estratificó el sexo de la placenta. La asociación entre SNV y PE se determinó mediante análisis de regresión multivariada y las variables distribuidas normalmente se expresan como valores medios \pm DE.

Resultados y discusión. Se observó que el genotipo CG del SNV rs8192446 es significativamente más frecuente en el grupo de casos al compararlo con los controles. Las frecuencias en el resto de las SNVs analizadas, no mostraron diferencias significativas al comparar los grupos estudiados. Se observó asociación de la SNV rs8192446 [OR 27.46 (3.42 220.48) p <0.0001] con PE, esta variación (C>G) genera un cambio aminoacídico Asn144Lys que se encuentra en un dominio topológico extracelular, sin embargo, aun desconocemos la consecuencia funcional de este cambio sobre la proteína por lo que estamos realizando ensayos *in silico* para poder esclarecerlo. La evaluación de los perfiles de expresión génica y proteica de A2A, revelaron una disminución significativa de ambos en placentas preeclámpicas frente a placentas sanas (p <0,05) (Figura 1). Esta disminución podría estar relacionada con un incremento en las concentraciones extracelulares de adenosina, alterando la vía de señalización de VEGF provocando una angiogenesis placentaria inadecuada y el desarrollo consecuente de la enfermedad.

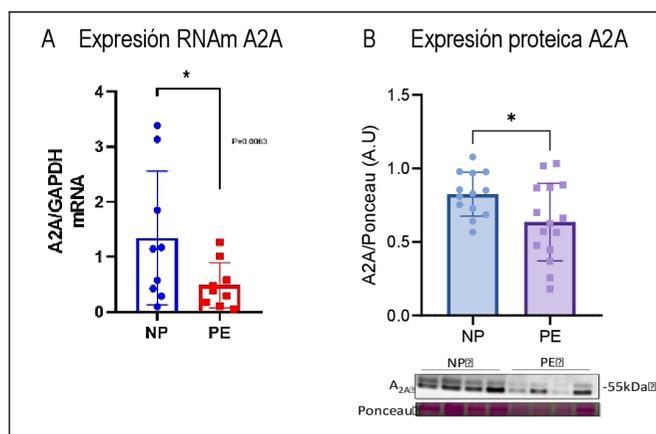


Figura 1. FIGURA 1 | Gen A2A y abundancia de proteínas en placentas humanas de embarazos sanos y preeclampsia. (A) Análisis por PCR en tiempo real de la expresión de A2A en placentas normales y preeclámpicas. Los niveles de expresión génica se normalizaron con GAPDH. Muestras: normal (n = 13), preeclampsia (n = 15). (B) proteína A2A/Ponceau de transferencia Western. Se utilizó ponceau como control de carga. Muestras: normal (n = 9), preeclampsia (n = 9). Datos presentados como medias \pm DE. Prueba t de Student. *p < 0,05.

Conclusiones y perspectivas. Se encontró asociación entre PE y la SNV rs 8192446 placentaria, sin embargo, se requieren estudios *in silico* para evaluar la consecuencia funcional de dicho cambio. Se encontró una menor expresión del ARNm y proteína de ADORA2A en placentas con preeclampsia, en particular en preeclampsia de inicio temprano, así como en las placentas de sexo masculino.

Agradecimientos. Apoyado por SIP20230626, SIP20231237, Becario CONAHCYT 827959.

Referencias.

1. Acurio J, Escudero A, Celis C, Bertoglia P, Escudero C. PP003. Antagonism in A2A and A2B adenosine receptor on fetal endothelium proliferation involves a nitric oxide-dependent intracellular pathway in early and late-onset preeclampsia. *Pregnancy Hypertens.* 2012 Jul;2(3):241-2
2. Giachini FR, Galaviz-Hernandez C, Damiano AE, Viana M, Cadavid A, Asturizaga P, Teran E, Clapes S, Alcalá M, Bueno J, Calderón-Domínguez M, Ramos MP, Lima VV, Sosa-Macias M, Martínez N, Roberts JM, Escudero C; RIVA-TREM. Vascular Dysfunction in Mother and Offspring During Preeclampsia: Contributions from Latin-American Countries. *Curr Hypertens Rep.* 2017 Oct 6;19(10):83.



EVALUACIÓN DEL EFECTO TERAPÉUTICO DE UNA FORMULACIÓN ANTIOXIDANTE EN UN MODELO MURINO DE PARKINSON C57BL6

Maribel Pérez Rodríguez, Absalom Zamorano Carrillo*, Guillermo Pérez Ishiwara*

Dr. Absalom Zamorano Carrillo azamorano@ipn.mx

Dr. Guillermo Pérez Ishiwara dperez@ipn.mx

ENMH

Palabras clave: *Parkinson*, *MPTP*, *antioxidantes*, *estrés oxidativo*

Introducción. La enfermedad de Parkinson (EP) es una importante condición neurodegenerativa caracterizada por la pérdida de células dopaminérgicas en la Sustancia Nigra Pars Compacta, lo que conduce a la disminución de dopamina y provoca síntomas motores como temblores, rigidez y deterioro cognitivo. Factores como el estrés oxidativo, la genética y la disfunción mitocondrial son clave en su desarrollo. El tratamiento es paliativo, mediante fármacos como la L-Dopa. En esta investigación estudiamos el impacto de una formulación antioxidante en un modelo murino de EP inducido con MPTP, con el fin de encontrar nuevas opciones terapéuticas que frenen la progresión de la enfermedad.

Metodología. Se estableció un modelo de EP mediante la administración de la toxina MPTP a ratones. Los ratones con EP se trataron con extracto de *Bacopa procumbens* por vía intraperitoneal (200mg/kg), evaluando su actividad motora. Posteriormente, los ratones fueron sacrificados para realizar análisis moleculares e histopatológicos en el cerebro. De manera paralela se llevaron a cabo análisis *in silico* para estudiar las interacciones de los metabolitos presentes en el extracto con proteínas implicadas en la fisiopatología de la EP, utilizando técnicas avanzadas de modelado y reconocimiento molecular.

Resultados y discusión. Se estandarizó el modelo murino de MPTP mediante la aplicación de 18 mg/kg de forma aguda, manifestando daño en la función somato motora debido a la pérdida de células dopaminérgicas en el sistema nervioso central. El tratamiento con el extracto de *B. procumbens* mostró que la función somato motora de los animales se recuperó significativamente. El grupo con EP inducida mostró una reducción en el número de desplazamientos; en contraste, los animales tratados con el extracto de *B. procumbens* mostraron un mejor rendimiento motor, superando en algunos casos el número de desplazamientos realizados por el grupo control sin lesión; de igual manera se realizó la prueba de rota rod, que consiste en evaluar la resistencia, donde los resultados mostraron que la administración del activo de *B. procumbens* revierte el fenómeno y le da una mayor capacidad al ratón de mantenerse sobre el rodillo giratorio, manteniéndose casi al doble de tiempo que los animales control.

El análisis de Western Blot sugieren cambios en la expresión del factor de transcripción Nrf2 y la proteína nuclear neuronal Neun. En los animales inducidos a EP sin tratamiento se observó que la expresión de NRF2 está disminuida, lo que sugiere la incorrecta activación del sistema anti-oxidante endógeno presentándose un estado pro-oxidativo que daña las neuronas y conduce a la neurodegeneración; de igual manera la expresión de Neun se vio

disminuida comparada con el grupo control sano, lo que sugiere una disminución en la viabilidad neuronal.

Se están llevando a cabo análisis histopatológicos en tejidos cerebrales utilizando la tinción de Luxol Fast Blue para evaluar estructuras mielinizadas en el sistema nervioso central. Se observó una disminución o fragmentación de los núcleos en el grupo de control con EP, debido a la muerte de células dopaminérgicas. No se detectaron células inflamatorias en los tejidos examinados. Además, se está realizando el análisis *in silico* para identificar blancos moleculares de los metabolitos de *B. procumbens* relacionados con la EP y el estrés oxidativo, con el objetivo de definir una fórmula antioxidante para el tratamiento de la enfermedad. Los datos bioinformáticos nos han permitido identificar interacciones de los metabolitos asociadas a procesos como la proliferación celular y factores de transcripción que activan respuestas protectoras del stress celular.

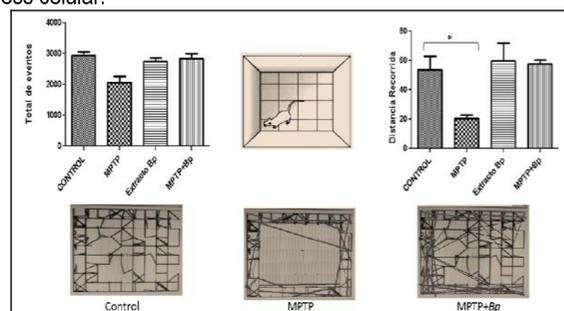


Figura 1. Evaluación motora de los animales sometidos a los distintos tratamientos en el sistema de campo abierto

Conclusiones y perspectivas. Los ratones inducidos a EP con MPTP y tratados con extracto de *B. procumbens* mostraron una mejora significativa en el desempeño motor y la resistencia en comparación con los no tratados. Se observó una recuperación en la expresión de NRF2 en los animales tratados, lo que podría indicar la activación del sistema antioxidante endógeno.

Agradecimientos. Este protocolo ha sido apoyado por CONAHCYT, en conjunto con el laboratorio de Biología Molecular 1, de la ENMyH.

Referencias.

- Chuanfeng L, Tie H, Zhen Y, Yu Z, Lu W, Man D, Jing Z, Jiaye M, Yixiao M. (2011) Efecto of Quercetin in the 1-Methyl-4-Phenyl-1, 2, 3,6-tetrahydropyridine- Induced Mouse Model of Parkinson's Disease. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*. Volumen (2012) : (1-6)



IDENTIFICACIÓN DE VARIANTES NUCLEOTÍDICAS EN LOS GENES *ABCC1* Y *CEP72* Y SU POSIBLE ASOCIACIÓN CON LA FARMACOCINÉTICA/FARMACODINAMIA POBLACIONAL DE VINCRISTINA, Y SU NEUROTOXICIDAD EN NIÑOS CON LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA

María Fernanda Monroy Baroja, Martha Sosa Macias*, Jesús Alonso Gándara Mireles, Carlos Galaviz Hernández, Ignacio Villanueva Fierro, Ismael Lares Asef, *sosa.martha@gmail.com
CIIDIR Durango

Palabras clave: vincristina, farmacocinética, farmacogenómica, neuropatía, leucemia

Introducción. La leucemia linfoblástica aguda (LLA) es el cáncer pediátrico más común a nivel mundial, con etiología multifactorial (1). Para el tratamiento de LLA se emplean agentes quimioterapéuticos como la vincristina (VCR), que es un alcaloide de la vinca, que inhibe la polimerización de los microtúbulos. Sin embargo, su principal efecto adverso es la neuropatía periférica (NPIV) que provoca un daño tanto físico como mental en la salud de los pacientes (2). Uno de los genes involucrados en el transporte de la VCR y que se ha asociado al desarrollo de NPIV, es *ABCC1* que codifica una proteína transmembrana que regula el flujo de VCR a través de las membranas celulares, hacia la sangre. En este gen se ha identificado la variante de un solo nucleótido (SNV) rs3743527 que podría contribuir con las diferencias terapéuticas observadas (3). Por otro lado, la variante rs924607 en el gen *CEP72* se encontró asociada con el riesgo de desarrollar NPIV en niños con LLA en la etapa de mantenimiento (4) pero no durante la etapa de inducción (5). El gen *CEP72* codifica una proteína centrosomal que se requiere para la segregación cromosómica adecuada. El objetivo de este trabajo es determinar la asociación entre SNV en *ABCC1* y *CEP72* con los parámetros farmacocinéticos/farmacodinámicos poblacionales de VCR y NPIV en niños con LLA.

Metodología. Este estudio fue aprobado por el comité de Ética en Investigación del Hospital Materno Infantil de Durango (N° 611/023). Es un estudio de casos y controles, en el que los casos serán los pacientes que desarrollen la NPIV. Se evaluarán pacientes de 1-18 años diagnosticados con LLA que reciben VCR en la etapa de inducción o mantenimiento del Centro Estatal de Cancerología (CECAN) del estado de Durango. Se extraerá DNA a partir de sangre total y la determinación de las variantes de los genes de interés se realizará por qPCR con sondas TaqMan® (Applied Biosystems) y rhAmp™ SNP assay de IDT™. La VCR se cuantificará de plasma mediante HPLC. El modelado farmacocinético se realizará con los software Monolix®, R y JPKD.

Resultados y discusión. Hasta el momento se cuenta con 44 pacientes, de los cuales 13 (29.5%) han desarrollado NPIV. La edad, género, peso, talla e índice de masa corporal fue similar entre los controles y casos. La frecuencia de la variante rs3743527 en *ABCC1*, no mostró diferencia significativa entre los controles (30.6%) y casos (26.9%) (Cuadro 1). La frecuencia de la variante rs924607 en *CEP72* fue menor en los casos (9%) que en los controles (31%), pero la diferencia no fue significativa (Cuadro 2). La frecuencia reportada para el alelo mutado de la SNV de *ABCC1* en casos fue 11% (3). La frecuencia del alelo menor de *CEP72* fue de 47.2% y 38.9% en los pacientes con neurotoxicidad (4,5).

No se encontró asociación significativa de la NPIV con las variantes evaluadas en ninguno de los modelos de herencia analizados.

Cuadro 1. Frecuencias genotípicas y alélicas de *ABCC1* rs3743527

<i>ABCC1</i> rs3743527 C > T			
	Casos n = 13	Controles n = 31	Valor de p*
C	19 (73.1)	43 (69.4)	0.92
T	7 (26.9)	19 (30.6)	
CC	6 (46.2)	14 (45.2)	0.64
CT	7 (53.8)	15 (48.4)	
TT		2 (6.4)	

Cuadro 2. Frecuencias genotípicas y alélicas de *CEP72* rs924607

<i>CEP72</i> rs924607 C > T			
	Casos n = 11	Controles n = 29	Valor de p*
C	20 (90.9)	40 (69.0)	0.08
T	2 (9.1)	18 (31.0)	
CC	9 (81.8)	13 (44.8)	0.10
CT	2 (18.2)	14 (48.3)	
TT		2 (6.90)	

*Chi-cuadrado

Conclusiones y perspectivas. No se observaron diferencias significativas entre los casos y controles en las características demográficas y la frecuencia de las SNV analizadas.

Se continuará con la captación de pacientes, la evaluación de SNV y la cuantificación de VCR para realizar el modelado farmacocinético poblacional.

Agradecimientos. A CONAHCYT por la beca de posgrado.

Referencias.

- Rivera-Luna R, Cárdenas-Cardos R, Olaya-Vargas A, et al. 2015. El niño de población abierta con cáncer en México. Consideraciones epidemiológicas. *An Med (Mex)*. 60 (2): 91-97.
- Li G, Hu Y, Li D, et al. 2020. Vincristine-induced peripheral neuropathy: A mini-review. *Neurotoxicology*. 81(1):161-171.
- Lopez-Lopez E, Gutierrez-Camino A, Astigarraga I, et al. 2016. Vincristine pharmacokinetics pathway and neurotoxicity during early phases of treatment in pediatric acute lymphoblastic leukemia. *Pharmacogenomics*. 17(7):731-741.
- Diouf B, Crews K, Lew G, et al. 2015. Association of an inherited genetic variant with vincristine-related peripheral neuropathy in children with acute lymphoblastic leukemia. *JAMA*. 313(8):815-823.
- Gutierrez-Camino A, Martin-Guerrero I, Lopez-Lopez E, et al. 2016. Lack of association of the *CEP72* rs924607 TT genotype with vincristine-related peripheral neuropathy during the early phase of pediatric acute lymphoblastic leukemia treatment in a Spanish population. *Pharmacogenet Genomics*. 26(2):100-102.



EVALUACIÓN DEL EFECTO DE EXTRACTOS DE LAS ALGAS *Laurencia johnstoni* Y *Sargassum lapazeanum* SOBRE ADIPOCITOS Y SU IMPACTO EN CÉLULAS DE CÁNCER DE MAMA.

María Fernanda Torres Rojas, María Esther Ramírez Moreno, Absalom Zamorano Carrillo, Jorge Cornejo Garrido, Claudia Judith Hernández Guerrero, Laurence Annie Marchat*.

lmarchat@ipn.mx

ENMH

Palabras clave: obesidad, algas, cáncer de mama, secretoma, inflamación, hallmarks del cáncer

Introducción. La obesidad es un factor de riesgo para diversas enfermedades, como el cáncer de mama (1). En el tejido adiposo disfuncional presente en obesidad, incrementa la secreción de adipocinas y citocinas pro-inflamatorias que promueven la inflamación y expresión de genes relacionados con la migración, supervivencia y proliferación de las células tumorales (2). Por esto, regular la disfunción del tejido adiposo representa una estrategia terapéutica interesante para el tratamiento del cáncer. Las algas producen metabolitos con potencial antiinflamatorio, antiobesogénico y antioxidante (3), por lo que en este estudio se propone evaluar el efecto de extractos de las algas *Laurencia johnstoni* y *Sargassum lapazeanum* sobre adipocitos y su impacto en células de cáncer de mama triple negativo que presenta el peor pronóstico, debido a su avance rápido y falta de tratamiento (4).

Metodología. El material biológico fue colectado en la Bahía de la Paz, Baja California. Los extractos se prepararon usando 200 g del material y el método de extracción líquido-sólido por maceración en acetato de etilo. Los núcleos fitoquímicos presentes en los metabolitos de los extractos se identificaron por cromatografía en capa fina. La toxicidad de los extractos en preadipocitos 3T3-L1 se evaluó mediante ensayos de MTT. Posteriormente, se evaluará el efecto de las concentraciones que permitan una viabilidad superior al 85% en la diferenciación adipocitaria y la secreción de adipocinas inflamatorias. Finalmente, se analizará el efecto del secretoma en la migración y proliferación celular de la línea celular de cáncer de mama triple negativo, MDA-MB-231.

Resultados y discusión. Se obtuvo un rendimiento del 1.82 % para *L. johnstoni* y de 0.375 % para *S. lapazeanum*. En ambos casos este fue menor que el reportado en las mismas especies o en otras especies del mismo género. Los núcleos fitoquímicos identificados en el extracto de *L. johnstoni* fueron saponinas triterpénicas, terpenoides, aldehídos y cetonas, mientras que en el de *S. lapazeanum* fueron saponinas esteroidales y triterpénicas, terpenoides y taninos. Estos resultados coinciden con lo reportado en la literatura para algas del mismo género. De manera interesante, se ha demostrado que metabolitos pertenecientes a estas familias tienen propiedades antiinflamatorias, antioxidantes y antiobesogénicas. Por otro lado, en los ensayos de MTT, se observó que el tratamiento con el extracto de *L. johnstoni* a concentraciones 0.1 y 3 µg/mL no afecta la viabilidad celular de manera significativa a las 24 y 48 h. Asimismo, en el caso de *S. lapazeanum*, concentraciones de 0.01 a 1 µg/mL no son tóxicas a las 24 y 48 h (Figura 1).

Conclusiones y perspectivas. Se realizó la preparación de los extractos de acetato de etilo de *L. johnstoni* y *S. lapazeanum*. La presencia de metabolitos con efectos anti-adipogénicos y antiinflamatorios reportados sugiere que estos extractos podrían afectar la adipogénesis. Queda pendiente caracterizar su efecto en los preadipocitos murinos 3T3-L1 y su impacto en las células de cáncer de mama triple negativo.

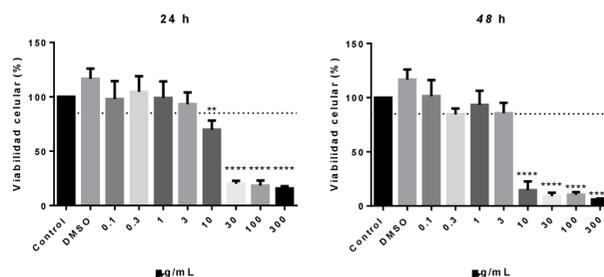


Figura 1. Efecto citotóxico del extracto de *L. johnstoni* sobre la línea celular 3T3-L1. Los resultados se expresaron como media \pm desviación estándar (DE) de tres experimentos independientes realizados por triplicado. El análisis estadístico se realizó mediante ANOVA unidireccional con la prueba post hoc de Bonferroni. **** $p < 0,0001$, ** $p < 0,01$, * $p < 0,05$ frente al control. Línea de puntos, 85% de viabilidad celular.

Agradecimientos. Al CONHACyT por la beca otorgada con número de CVU 1038496. Y al IPN por la beca BEIFI otorgada en el 2023 y 2024.

Referencias.

- Fortner RT, Katzke V, Kühn T, Kaaks R. (2016) Obesity and Breast Cancer. *Recent Results Cancer Res.* 208:43-65
- Dumas JF, Brisson L. Interaction between adipose tissue and cancer cells: role for cancer progression. *Cancer Metastasis Rev.* 2021 Mar;40(1):31-46.
- Gómez-Zorita S, González-Arceo M, Trepiana J, Eseberri I, Fernández-Quintela A, Milton-Laskibar I, Aguirre L, González M, Portillo MP. (2020) Anti-Obesity Effects of Macroalgae. *Nutrients.* 2020 Aug 8;12(8):2378.
- Barzaman K, Karami J, Zarei Z, Hosseinzadeh A, Kazemi MH, Moradi-Kalbolandi S, Safari E, Farahmand L. (2020) Breast cancer: Biology, biomarkers, and treatments. *Int Immunopharmacol.* Jul;84:106535.



APLICACIÓN DE MICROENCAPSULADOS PARA ANÁLISIS DE METABOLITOS SECUNDARIOS OBTENIDOS DE UNA PLANTA MEDICINAL CON ACTIVIDAD ANTIANSIOLÍTICA NATIVA DE MÉXICO.

Maleni Nohemi Hernández Díaz, Abdú Orduña Díaz*, Ada María Ríos Cortés*, Orlando Zaca Moran, Miguel Angel Villalobos López y Aarón Mendieta Moctezuma.

aordunad@ipn.mx
CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: extractos vegetales, metabolitos secundarios, propiedades ansiolíticas, microencapsulados, biocompatibles.

Introducción.

La ansiedad y la depresión son uno de los principales problemas a nivel mundial debido a que estas enfermedades afectan el estilo de vida de las personas que llegan a padecerlas. Por lo que el incremento continuo de estas enfermedades y del uso de medicamentos antiansiolíticos sintéticos que conllevan diversos efectos secundarios y a la dependencia, la población ha optado por la búsqueda de tratamientos naturales, económicos y que ofrezcan mejores resultados, tal es el caso de *Clinopodium mexicanum* la cual es una planta originaria de México y que se ha comprobado que en su extracto orgánico se encuentran metabolitos de interés, como los flavonoides, los cuales poseen actividad sedante, anticonvulsiva y antiansiolítica; sin embargo, al ser metabolitos secundarios provenientes de una planta medicinal silvestre es necesario conocer su cultivo y manejo para evitar la pérdida de los compuestos de interés y así mismo de la especie. Por otro lado, el uso de tecnologías como la microencapsulación permite aumentar la baja solubilidad de los flavonoides de interés, además de proporcionar un mayor control de la liberación de dosis adecuada al paciente. Por lo que el objetivo de este proyecto es analizar el efecto de los metabolitos secundarios microencapsulados a partir de extractos vegetales de *Clinopodium mexicanum* lo que conllevará al estudio del cultivo de la especie vegetal, la extracción de los compuestos de interés y la microencapsulación de estos. [3].

Planteamiento del problema.

La pandemia del 2020 COVID-19 permitió identificar y priorizar las enfermedades mentales como un problema de suma importancia, los tratamientos y cuidados siguen siendo escasos, inadecuados, inaccesibles o demasiado caros según la OMS (2023). Los medicamentos empleados para tratar los síntomas de la ansiedad resultan ser sintéticos los cuales provocan diversos efectos secundarios, no obstante en la medicina tradicional mexicana, existen diversas plantas con efecto antiansiolítico como *Clinopodium mexicanum* planta silvestre que posee metabolitos secundarios con actividad antiansiolítica; sin embargo, al ser un compuesto vegetal extraído de una planta silvestre se necesita conocer el manejo de la especie así como el empleo de técnicas como la microencapsulación que permita conferir la estabilidad y protección al compuesto vegetal y su mejor aprovechamiento.

Justificación.

Clinopodium mexicanum es una planta originaria de México que posee flavonoides en el extracto alcohólico como hesperidina y neoponcirina con actividad antiansiolítica y antidepressiva que actúa de manera similar que el medicamento diazepam; sin embargo, la hesperidina y neoponcirina son metabolitos vegetales que resultan con menor cantidad de efectos secundarios en comparación con los

medicamentos químicos, aunque al ser flavonoides estos presentan baja solubilidad en agua y una baja biodisponibilidad, debido a esto es necesario implementar una tecnología que aumente la biodisponibilidad, por lo tanto se pretende realizar microencapsulados que mejore la biodisponibilidad como la ciclodextrina.

Objetivo general.

Analizar el efecto de los metabolitos secundarios provenientes de *Clinopodium mexicanum* con actividad antiansiolítica en microencapsulados.

Objetivos particulares

1) Establecer el cultivo y manejo de *C. mexicanum* en invernadero con diferentes métodos de propagación. 2) Extraer y analizar los flavonoides hesperidina y neoponcirina en la población silvestre e invernadero de *C. mexicanum*. 3) Sintetizar microencapsulados de ciclodextrina con metabolitos de interés. 4) Evaluar microencapsulados en modelo biológico.

Estrategia metodológica.

Se establecerá la propagación y cultivo a nivel invernadero de la planta *C. mexicanum* con diferentes manejos, se procederá al secado de la planta que se encuentra a nivel invernadero y se recolectará planta silvestre para la extracción, separación y cuantificación de hesperidina y neoponcirina con la finalidad de conocer la cantidad de metabolitos a nivel invernadero y silvestre, una vez obtenidos los compuestos de interés se realizarán los microencapsulados empleando la metodología de complejación en disolución que consiste en la preparación de una solución acuosa de ciclodextrina y se adiciona el compuesto de interés en agitación constante. La prueba de los microencapsulados se realizará mediante la prueba de tablero de agujeros.

Resultados esperados.

Radican principalmente en la formulación de microencapsulados de ciclodextrina hesperidina y neoponcirina que dirijan al compuesto activo con la finalidad de obtener una disminución en los síntomas de ansiedad y depresión.

Referencias.

- Pineda Vaquero K. 2022. Cuantificación de flavonoides en complejos flavonoide-ciclodextrina formados mediante el uso de fluidos supercríticos. *Casa abierta al tiempo. Universidad Autónoma Metropolitana*.
- Cassani J., Escalona Araujo A., Martínez Vázquez M., Mangares N., Moreno J., Estrada Reyes A. 2013. Anxiolytic-Like and Antinociceptive Effects of 2(S)-Neoponcirin in Mice. *Molecules*. 18.



EVALUACIÓN DE LA BIODISPONIBILIDAD, BIODISTRIBUCIÓN Y EXPRESIÓN DE TRANSPORTADORES SLC EN RATAS ADMINISTRADAS CON ÁCIDO ELÁGICO

Luis Alberto González trejo, Ana Belem Piña Guzmán, Jorge Cornejo Garrido*

jcornejog@ipn.mx
ENMH

Palabras clave: Biodisponibilidad, biodistribución, transportadores SLC, ácido eláxico

Introducción. La obesidad es una enfermedad de gran relevancia a nivel nacional y es factor de riesgo para otras enfermedades crónicas como la diabetes, el cáncer o las cardiovasculares, su tratamiento consta de cambios en los hábitos, dieta y ejercicio y en algunos casos farmacoterapia, sin embargo, estos medicamentos conllevan efectos secundarios y tiene costos elevados.¹ De igual manera se han utilizado compuestos fenólicos para el tratamiento de la obesidad, no obstante, esta enfermedad perturba factores relacionados con la farmacocinética como la expresión de los transportadores SLC, lo que podría alterar su efectividad.² Entre los compuestos fenólicos con capacidad de mitigar la obesidad se encuentra el ácido eláxico, tanino presente en diversas especies vegetales, entre ellas el eucalipto, especie con la mayor producción de este compuesto alcanzando hasta 1700 mg/kg.³ Existen formas alternativas para la obtención y aprovechamiento de compuestos fenólicos, dentro de estas alternativas se encuentra el cultivo de tejidos, que permite la obtención de compuestos de interés farmacológico a gran escala bajo condiciones controladas.⁴ Este proyecto tiene como objetivo obtener ácido eláxico a partir de cultivo de tejidos de eucalipto y evaluar el efecto de la obesidad en la biodisponibilidad, biodistribución del ácido eláxico y la expresión de SLC en un modelo murino.

Metodología. La metodología se dividió en dos fases principales, donde la primera fase comprende la estandarización del cultivo vegetal de eucalipto y la obtención de ácido eláxico a partir de este, la segunda fase comprende los estudios de biodisponibilidad, biodistribución (el método analítico será validado de acuerdo con la NOM-117-SSA1-2013) y cuantificar la expresión de los transportadores SLC en ratas obesas administradas con ácido eláxico.

Resultados y discusión. Se han germinado semillas de eucalipto usando diferentes procesos de desinfección obteniendo diferentes porcentajes, los cuales se muestran en la Tabla 1.

Tabla 1. Procesos de desinfección utilizados para la germinación de semillas de eucalipto.

Semillas Utilizadas	Proceso de desinfección	% de germinación
Semillero Michoacán	1 min Etanol 70% 7 min cloro 0.75 %	10
Semillero Michoacán	Gas cloro 24 h 1 min Etanol 70% 7 min cloro 0.75 %	56.25
Semillero Michoacán	Gas cloro 24 h 1 min Etanol 70% 7 min cloro 0.75 %	20

Se llevo a cabo la validación del método analítico obteniendo parámetros de validación dentro de lo solicitado por la norma, estos se presentan en la Tabla 2.

Tabla 2. Parámetros obtenidos en la validación del método analítico.

Parámetro	Obtenido	NOM
Precisión (coeficiente de variación)	0.45%	≤15%
Exactitud (desviación)	14.96%	≤15%
Linealidad (Coeficiente de regresión)	0.9946	≥0.99

Se obtuvieron los parámetros farmacocinéticos de ratas sanas administradas con ácido eláxico mediante un modelo compartimental extravascular, los cuales se muestran en la Tabla 3.

Tabla 3. Parámetros farmacocinéticos obtenidos de ratas sanas

Parámetro	
C _{max} (µg/mL)	1.81 ± 0.10
T _{max} (h)	1.10 ± 0.24
AUC (µg/mL·h)	2.92 ± 0.17

Conclusiones y perspectivas. Se lograron germinar semillas de eucalipto mediante los métodos de desinfección evaluados. Se obtuvieron los parámetros farmacocinéticos de ratas sanas administradas con ácido eláxico utilizando un método analítico fue validado de acuerdo con la NOM-117-SSA1-2013.

Agradecimientos. Agradezco al CONACYT por el apoyo otorgado para la realización de este 1031444, a la ENMH-IPN, a la UPIBI-IPN y a la Secretaría de Investigación y Posgrado (SIP) por el apoyo brindado para la realización de este proyecto.

Referencias. 1. Martínez, S. L., Pérez, S. 2022. Obesidad: Mecanismos, fisiopatología y tratamiento integral desde un enfoque educativo. *Ciencia & salud*. 6(1): 71-80
2. Gai, Z., Visentin, M., Hiller, C., Krajnc, E., Li, T., Zhen, J., Kullak-Ublick, G. 2016. Organic Cation Transporter 2 Overexpression May Confer an Increased Risk of Gentamicin-Induced Nephrotoxicity. *AAC*. 60(9): 5573-5580
3. Evtugyn, D. D., Magina, S., & Evtuguin, D. V. (2020). Recent Advances in the Production and Applications of Ellagic Acid and Its Derivatives. *Molecules*. 25(12), 2745-2764.
4. Morales-Rubio, M., Espinosa-Leal, C., Garza-Padrón, Amelia. s. RivasMorales, C., Oranday-Cardenas, M.A., & Verde-Star, M.J. (Eds.). *Investigación en plantas de importancia médica*. Barcelona.



BÚSQUEDA DE LIGANDOS DIRIGIDOS A LAS PROTEÍNAS HUMANAS BAK, MCL-1 E IL-6R CON POTENCIAL ANTITUMORAL

Karla Araceli León García*, Gilberto Mandujano Lázaro, Laurence A. Marchat, Absalom Zamorano Carrillo

karla.leongarciaib@gmail.com

Palabras clave: Apoptosis, Cáncer, BAK, Mcl-1, IL-6R

ENMH

Introducción. El cáncer es una de las principales causas de mortalidad en América. Se espera que para el 2040 en México haya un crecimiento del 85% de los casos. Particularmente, el cáncer de mama triple negativo (CMTN) es uno de los más agresivos, con opciones terapéuticas limitadas y un pronóstico generalmente desfavorable (1). Por lo tanto, es urgente desarrollar nuevos regímenes de tratamiento y encontrar dianas novedosas. Uno de los principales mecanismos desregulados en el cáncer es la apoptosis, por lo que las proteínas que participan en este evento como Mcl-1 y BAK son blancos prometedoros (2). Además, se ha demostrado que la inflamación es un componente crítico de la progresión tumoral siendo la IL-6 un posible modulador de la apoptosis, por lo que los componentes del complejo IL-6R son otro blanco terapéutico de interés (3). En el presente trabajo, se realiza un cribado virtual en busca de compuestos que interactúen con las proteínas Mcl-1, BAK y gp130 componente esencial de IL-6R para promover la apoptosis y reducir los procesos inflamatorios presentes en el cáncer de mamá triple negativo.

Metodología. Se realizó la búsqueda de las estructuras cristalinas de cada una de las proteínas en las bases de datos PDB y se evaluó la calidad estereoquímica de los modelos con el software PROCHECK, validándolos a través del gráfico de Ramachandran. La identificación de los sitios blanco con potencial farmacológico en las estructuras promedio de las proteínas se realizó con MOE y el servidor COACH. Este análisis incluye búsqueda de surcos con residuos hidrofóbicos accesibles para identificar los posibles sitios de unión. Por otra parte, con el fin de seleccionar los ligandos que presenten interacciones favorables con MCL-1, BAK e IL-6R, se llevarán a cabo ensayos de cribado virtual molecular con VINA dirigido hacia los sitios de unión que se encontraron. Finalmente se realizarán ensayos de viabilidad celular, apoptosis y detección de marcadores de inflamación con los ligandos identificados en células MDA-MB-231.

Resultados y discusión. Se obtuvieron las estructuras cristalinas de las proteínas a partir del PDB, y el análisis de la gráfica de Ramachandran de cada una de ellas mostró que eran de la calidad estereoquímica necesaria para continuar los ensayos. En la Tabla 1 se muestran los residuos de sitios de unión encontrados para cada proteína. Se llevó a cabo un análisis de la superficie electrostática de cada proteína, y se observó que los sitios de unión predichos además de ser innovadores y encontrarse en zonas accesibles de las proteínas, muestran un potencial de superficie positivo, lo cual los hace buenos candidatos a sitios de unión para la búsqueda de ligandos. El sitio de unión encontrado para MCL-1 se localiza dentro del sitio unión canónico para las proteínas de la familia BCL-2, mostrando ser un buen blanco para promover la inhibición de esta proteína antiapoptótica. En el caso de BAK, el sitio de unión encontrado es un sitio diferente a los que se han reportado, se debe

estudiar su importancia en la naturaleza de la proteína y encontrar ligandos que promuevan su activación. Por último, los sitios encontrados para gp-130 se encuentra en una zona con capacidad de influir en la formación de la homodimerización de la proteína importante para su función.

Tabla 1. Residuos pertenecientes a los posibles sitios de unión encontrados para cada proteína con los software MOE y COACH.

PROTEÍNA	gp-130 PDB: 1BQU	MCL-1 PDB: 6NE5	BAK PDB: 8CZF
Software/ algoritmo	Residuos	Residuos	Residuos
MOE	14, 15, 16, 94, 95, 96, 100, 101, 189, 190, 191	42,43,45,46,47,48,49,54,83,86,87,90,94,97,99,136,137,140,141,144,145	61,62,65,66,69,70,73,77,87,90,91,97,98,101,102,103,104,111,160,161
COACH	134, 136, 147, 176, 186, 189	45,48,49,52,53,56,57,60,79,83,89,90,91,92,94,95,98,99,102,144,147,148	58,59,62,66,69,70,73,74,76,77,87,90,91,94,95,101,102,103,104,106,107,160

Conclusiones y perspectivas. Los sitios encontrados en el análisis bioinformático se muestran como blancos novedosos en las proteínas antes mencionadas. Se puede predecir su capacidad para inducir el proceso de apoptosis en el caso de MCL-1 y BAK, y de disminuir el proceso de inflamación en el caso de gp-130 en células de cáncer de mama triple negativo. Como objetivos pendientes, se está realizando la búsqueda de ligandos que se puedan unir a estos sitios de unión en la base de datos ChEMBRIDGE que cuenta con compuestos que cumplen con las propiedades de lipinski y pueden ser candidatos prometedoros a fármacos.

Agradecimientos. Agradecemos al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCYT) por la beca a León-García. Y al Programa Institucional de Formación de Investigadores por la beca BEIFI (20241036).

Referencias.

- Bromberg, J., & Wang, T. C. (2009). Inflammation and cancer: IL-6 and STAT3 complete the link. *Cancer cell*, 15(2), 79-80.
- L Rosas-Trigueros, J., Ilizaliturri-Flores, I., G Benitez-Cardoza, C., Correa-Basurto, J., & Zamorano-Carrillo, A. (2012). Computational modeling and simulation of the Bcl-2 family: paving the way for rational drug design. *Curr. Med. Chem.*, 19(36), 6081-6094.
- Pfeffer, C. M., & Singh, A. T. (2018). Apoptosis: a target for anticancer therapy. *Int. J. Mol. Sci.*, 19(2), 448.



DESARROLLO DE BIOSENSOR PARA LA MEDICIÓN DE NIVELES DE CORTISOL EN SALIVA EN TIEMPO REAL

Karla Maria Estrada Salazar, Ignacio Villanueva Fierro*.

ifierro62@yahoo.com

CIIDIR Durango

Palabras clave: *Detección, niveles, análisis, estrés, MIP, anticuerpo*

Introducción. El cortisol es una hormona de clase glucocorticoide que se sintetiza a partir de colesterol, la cual se encuentra en diversos fluidos y tejidos orgánicos como suero, saliva, orina, cabello, etc., y su secreción esta regulada por el ritmo circadiano, estímulos como estrés y mecanismos de inhibición *feedback* (1). Su liberación también se puede ver afectada por factores fisiológicos y patológicos. Esta hormona es fundamental para diversos procesos biológicos, principalmente adaptativos y su alteración de los niveles normales puede generar sintomatología y si es crónico el desbalance puede influir en padecimientos como diabetes (2).

Planteamiento del problema. La monitorización continua de los niveles de cortisol es importante ya que su nivel anormal influye fuertemente en la calidad de vida. Tomar en cuenta este factor en las consultas médicas permite obtener información valiosa para la toma de decisiones clínicas, un diagnóstico más preciso y una mejor evaluación de la respuesta al tratamiento en pacientes con trastornos endocrinos, trastornos del estrés, enfermedades psicológicas o afecciones relacionadas, además de su utilidad en estudios de investigación en fisiología, endocrinología y psicología (3).

Justificación. Las pruebas comerciales existentes para su medición consumen mucho tiempo y requieren reacciones experimentales complicadas que deben realizarse por personal de laboratorio altamente capacitado. Todavía existen muchas zonas en las que no se tiene acceso a un laboratorio por lo que un detector instantáneo, no invasivo, de alta sensibilidad, fácil utilización y de bajo costo sería importante para el monitoreo de esta hormona, la identificación temprana de problemas de salud para una intervención y tratamiento oportuno.

Objetivo general. Desarrollar un biosensor innovador, accesible y de respuesta rápida, basado en tecnología avanzada, para la detección precisa de cortisol en saliva.

Objetivos particulares.

- Diseñar y sintetizar un receptor molecular altamente selectivo para el cortisol que garantice una alta especificidad de detección en el biosensor.
- Desarrollar y optimizar la plataforma de detección, utilizando tecnologías avanzadas, para lograr una respuesta rápida y precisa del biosensor.
- Realizar pruebas analíticas *in vitro*, para determinar su sensibilidad, especificidad, linealidad, precisión y robustez, comparado con una detección comercial.

Estrategia metodológica.

- Seleccionar los componentes biológicos y tecnológicos a utilizar. El sensor puede ser construido utilizando tecnologías innovadoras como la impresión molecular sobre un polímero biocompatible o con métodos conservadores como el uso de anticuerpos. Se deben

realizar experimentos preliminares para comparar los resultados con ambos procedimientos. Puede ser necesario implementar un método de filtración al utilizar anticuerpos, esto con el fin de aumentar la selectividad.

- Se cuenta con el material y maquinaria para desarrollar tanto la placa fenólica con los circuitos, como el hardware y el software que se pretende programar la aplicación con Python.
- Para la confirmación del correcto funcionamiento del sensor es necesario realizar pruebas analíticas con saliva de pacientes reales y compararlas con resultados de laboratorio de las mismas muestras.

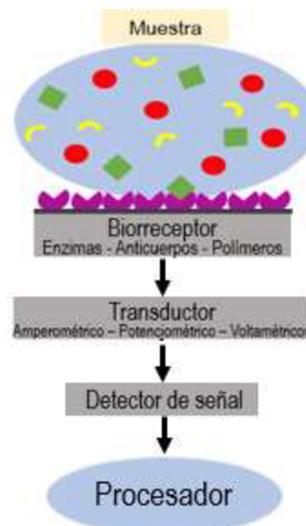


Figura 1. Partes del sensor

Resultados esperados. Selección del detector adecuado para la construcción del biosensor y llevar a cabo pruebas iniciales para evaluar el desempeño del biosensor en términos de sensibilidad, especificidad, linealidad, precisión y robustez utilizando muestras sintéticas o simuladas.

Referencias.

1. Tang, W., Yin, L., Sempionatto, J. R., Moon, J. M., Teymourian, H., & Wang, J., 2021, Touch-based stressless cortisol sensing. *Advanced Materials*, Vol. 33, No. 18.
2. Liu, J., Xu, N., Men, H., Li, S., Lu, Y., Low, S. S., y Liu, Q., 2020, Salivary cortisol determination on smartphone-based differential pulse voltammetry system. *Sensors*, Vol. 20, No.5.
3. Trusso Sfrassetto, G., & Santonocito, R., 2022, Nanomaterials for cortisol sensing, *Nanomaterials*, Vol. 12, No. 21, p. 3790.



ASOCIACIÓN DE LAS VARIACIONES NUCLEOTÍDICAS DE TRPM6 Y SLC41A2 CON EL ESTADO OXIDATIVO EN PACIENTES CON DIABETES TIPO II

Jose Luis Guillermo Molina Marín De la Hoya, María Berenice González*, Martha Angelica Quintanar Escorza, Dealmy, Carlos Galaviz Hernández, Isaías Chairez Hernández.

Correspondencia: Dra. Berenice González Maldonado. Email: bereciidir@hotmail.com
CIIDIR Durango

Palabras clave: Estado oxidativo, Capacidad antioxidante, Daño oxidativo, Magnesio.

Introducción. Se ha propuesto que uno de los mecanismos moleculares implícitos en la diabetes es el estrés oxidativo. Se tienen evidencias que, en el inicio y la progresión de complicaciones tardías de la diabetes, los radicales libres tienen un papel importante debido a su capacidad para dañar lípidos, proteínas y ADN. De igual manera las variaciones nucleotídicas de los genes TRPM6 Y SLC41A2 podrían representar un riesgo significativo a Diabetes tipo II (DT2) al desempeña un papel central en la homeostasis del magnesio, el cual se considera fundamental para mantener el metabolismo de la glucosa y regulación y captación de la insulina detonando en la presencia de hiperglucemia crónica y resistencia a la insulina. De tal manera que la generación de radicales libres de oxígeno, el proceso inflamatorio y el estado genotípico podrían considerarse biomarcadores asociados al mecanismo fisiopatológico común en el desarrollo y complicaciones de DT2. Por lo que el objetivo de esta investigación fue determinar la asociación de las variaciones nucleotídicas de los genes TRPM6 y SLC41A2 con el estado oxidativo en pacientes con Diabetes tipo II

Metodología. Como diseño de estudio se planteó un estudio observacional, prospectivo, transversal y de asociación, de tipo casos y controles, considerando a pacientes con diabetes tipo 2 como el grupo casos y un grupo control de pacientes sanos. A partir de muestras de plasma y ADN, se determinó el estado genotípico de cada pacientes así como los marcadores del estado oxidativo como lo son la capacidad antioxidante total mediante el *Sistema ABTS-Peroxidasa*, el daño oxidativo mediante la oxidación de los lípidos se determinó cuantificando malondialdehído y estado genotípico por PCR tiempo real mediante sondas Taqman para posteriormente determinar las diferencias entre grupos mediante U de Mann-Withney y T de Student, Correlación de Spearman, Equilibrio de Hardy Weinberg (HWE): para la distribución de genotipos, Odds ratio y regresión logística: medida de asociación entre los casos y controles en las variaciones de (TRPM6 y SLC41A2)

Resultados y discusión. Se observaron mayores niveles de daño oxidativo en los pacientes con diabetes que en el grupo control. En cuanto a la determinación de la capacidad antioxidante total, se observa una mayor defensa del sistema biológico en pacientes con diabetes en comparación con pacientes sanos, sin embargo, no se observa significación estadística. Pudimos observar que existe una correlación directa y estadísticamente significativa entre la lipoperoxidación en plasma y el grado de lesión en los pacientes con DT2. Lo que demostró que al aumentar el daño oxidativo también aumenta el grado de lesión epitelial. En cuanto al estado genotípico. Se encontró que la variación de TRPM6 está asociada con el desarrollo de estrés oxidativo

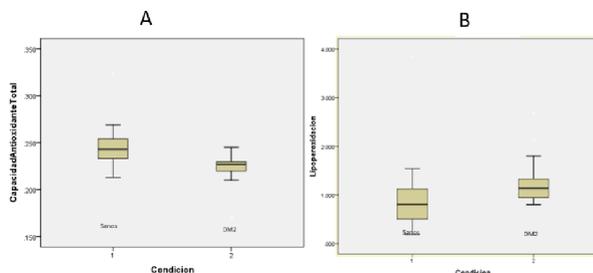


Figura 1. Estado oxidativo. (A) Comparación de Capacidad antioxidante Total en sujetos sanos y sujetos con Diabetes tipo 2. (B) Comparación de daño oxidativo mediante lipoperoxidación en sujetos sanos y sujetos con Diabetes tipo 2. *U Mann-Withney. statistical significance $p=0.05$

Cuadro 1. Estado oxidativo

parámetro	Daño endotelial		Capacidad antioxidante		TNF- α		Mg		HBA1c	
Lipoperoxidación	$r=0.75$	$p^*=0.001$	$r=-0.35$	$p=0.14$	$r=0.20$	$p=0.35$	$r=-0.40$	$p=0.18$	$r=-0.349$	$p=0.001$

*Rho de Spearman ($p<0.05$). Coeficiente de correlación entre lipoperoxidación, daño endotelial, capacidad antioxidante total y factor de necrosis tumoral, concentración de magnesio y HBA1c

Conclusiones y perspectivas. La población de participantes con DT2 y pie diabético mostró mayores niveles de MDA en comparación con la población que solo presentaba DM2.

Se encontró una correlación positiva entre la concentración MDA y el grado de lesión de pie diabético por lo que podría considerarse como buen marcador en plasma para determinar el daño endotelial.

La variación de TRPM6 podría ser considerado un biomarcador con el desarrollo de estrés oxidativo y las complicaciones de DT2 como lo es el pie diabético.

Agradecimientos. CONACHCYT y el Instituto Politécnico Nacional por la asignación de becas para el desarrollo de la presente investigación. Registro B210180

Referencias.

- Han N, Kirigia J, Claude J, Ogurston K, Guariguata L, Rathmann W, et al. Diabetes Atlas de la FID [Internet]. Vol. 8, Federación Internacional de Diabetes. 2017. 150 p. Available from: www.diabetesatlas.org
- Acosta García E. Obesidad, tejido adiposo y resistencia a la insulina. Acta bioquímica clínica latinoamericana. 2012;46(2):183-94. 4. Ávila MH, Dommarco JR, Levy TS. Encuesta Nacional de Salud y Nutrición 2016. Resultados Nacionales. 2016.
- Mirza S, Hossain M, Mathews C, Martinez P, Pino P, Gay JL, et al. Type 2-diabetes is associated with elevated levels of TNF-alpha, IL-6 and adiponectin and low levels of leptin in a population of Mexican Americans: a cross-sectional study. Cytokine. 2012;57(1):136-42



DESARROLLO Y APLICACIÓN DE UN BIOSENSOR ÓPTICO PARA LA DETECCIÓN Y ANÁLISIS DE *Acinetobacter baumannii* PRESENTE EN ÁREAS CLÍNICA Y HOSPITALARIAS.

Jorge Mota Rocha, Abdu Orduña Díaz*, Francisco Severiano Carrillo, Marlon Rojas López, Silvia Luna Suárez, Fabiola Avelino Flores.
aordunad@ipn.mx.
CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: Biosensor, FTIR, silicio, *Acinetobacter*, anticuerpos

Introducción. *Acinetobacter baumannii* (AB) es un patógeno de importancia nosocomial actual, pues algunas de sus cepas pueden sobrevivir en el ambiente hospitalario durante años debido a su resistencia innata a los antibióticos y a la supervivencia en ambientes secos inanimados como equipo médico reutilizable, almohadas, sábanas, superficies de áreas quirúrgicas y cuidados intensivos (1). Las técnicas microbiológicas convencionales requieren tiempo para identificar este tipo de microorganismos patógenos, por lo que el desarrollo de métodos más rápidos y precisos es primordial para la oportuna detección. El silicio poroso (SP) ha tenido aplicaciones relevantes relacionados al proceso de detección de bacterias o sus metabolitos; Severiano y col. (2023) (2), emplearon una plataforma fluorescente de SP para detectar la actividad metabólica de bacterias. Zhuo y col. (2020) (3), desarrollaron un biosensor microfluidico basado en SP recubierto con TiO₂, para detectar proteína de capa bacteriana. Mathew y Alocilja (2005) (4), desarrollaron un biosensor a base de SP, además determinaron su sensibilidad para detectar a la bacteria *E. coli*. Por lo tanto, la aplicación de un biosensor óptico basado con SP puede ser una alternativa para la detección oportuna de AB en superficies de áreas clave en hospitales y clínicas.

Planteamiento del problema. Las infecciones nosocomiales generadas por AB provocan un aumento en la tasa de mortalidad y en los costos de atención médica en situaciones que pueden ser prevenibles, debido a que los métodos microbiológicos y de análisis para su pronta detección requieren tiempo y equipo especializado al que no cualquier institución puede tener acceso.

Justificación. Por lo antes mencionado, en este proyecto se plantea el desarrollo de un biosensor óptico de SP que pueda aplicarse en áreas clave de instalaciones hospitalarias y clínicas para detectar de manera oportuna la presencia de AB, y de esta manera reducir las infecciones provocadas por este microorganismo patógeno, así como los costos para su tratamiento.

Objetivo general. Desarrollar y aplicar un biosensor óptico para la detección y análisis de AB presente en áreas clínicas y hospitalarias.

Objetivos particulares. Obtención y caracterización de los sustratos de silicio cristalino (c-Si) y SP. Generación de anticuerpos contra AB para el proceso de inmovilización del elemento de reconocimiento biológico. Ensamblado del biosensor. Detección y análisis de la interacción antígeno-anticuerpo. Validación de los biosensores por métodos microbiológicos convencionales. Evaluación de la sensibilidad de los biosensores.

Estrategia metodológica. Se emplearán dos sustratos: c-Si y SP. El c-Si se someterá al siguiente proceso: limpieza, activación, funcionalización, introducción del enlazante e inmovilización del elemento de reconocimiento biológico. El SP se obtendrá a partir del c-Si el cuál primeramente se limpiará y después se le aplicará la técnica de

ensamblado partiendo de la etapa de funcionalización. Ambos sustratos usaran el mismo elemento de reconocimiento biológico (anticuerpos monoclonales contra AB obtenidos de ratones) en la etapa de inmovilización y posteriormente se evaluará la interacción antígeno-anticuerpo para la detección de la bacteria de interés, y se comparará su sensibilidad; cada etapa de ensamblado será caracterizada mediante técnicas espectroscópicas (FTIR, Raman, UV-Vis) y microscopia electrónica de barrido (SEM). Además, se utilizarán técnicas microbiológicas (conteo en placa y pruebas bioquímicas) e inmunológicas (ELISA) para validar los biosensores obtenidos.

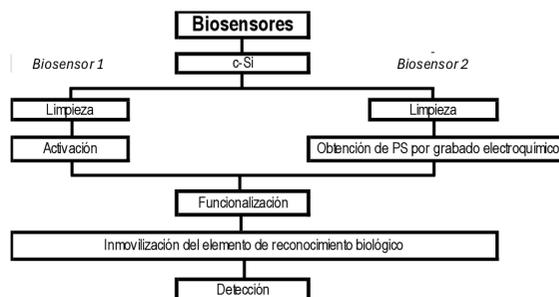


Figura 1. Diagrama general del proceso de desarrollo de los biosensores.

Resultados esperados. Se espera desarrollar un biosensor óptico con una alta sensibilidad y específico para la detección de *A. baumannii* para el análisis de superficies en hospitales y clínicas. Así mismo, los avances obtenidos se presentarán en congresos, y finalmente se publicará al menos un artículo sobre el desarrollo de este biosensor en una revista científica indexada.

Referencias.

- Harding C., Hennon S., & Feldman M. 2018. Uncovering the mechanisms of *Acinetobacter baumannii* virulence. *Nat Rev Microbiol.* 16 (2): 91-102.
- Severiano, F., Arcila-Lozano, L., Salazar-Villanueva, M., Rojas-López, M., & Flores, J. 2023. Porous Silicon Used for the Determination of Bacteria Concentration Based on its Metabolic Activity. *S. Nature, Ed.* 15: 6113-6119
- Zhuo, S., Xun, M., Li, M., Kong, X., Shao, R., Zheng, T., . . . Li, J. 2020. Rapid and label-free optical assay of S-layer protein with high sensitivity using TiO₂-coated porous silicon-based microfluidic biosensor. *Sens Actuators, B.* 321: 1-7
- Mathew, F., & Alocilja, E. 2005. Porous silicon-based biosensor for pathogen detection. *Biosens Bioelectron.* 20(8): 1656-1661



BIOSÍNTESIS DE NANOPARTÍCULAS DE ORO (AUNP'S) Y NANOENCAPSULACIÓN DE EXTRACTOS DE CAFÉ (*COFFEA ARABICA L.*) PARA LA INHIBICIÓN DE *Pseudomonas aeruginosa*.

Jessica Andrea Hernández Celis, Marlon Rojas López*, Flor de Fátima Rosas Cárdenas, Rocío Pérez y Terrón, Leslie Susana Arcila Lozano

* mrojasl@ipn.mx

CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: Nanopartículas, Café, Oro, Quitosano, *Pseudomonas aeruginosa*, Inhibición.

Introducción. La resistencia a antibióticos es una problemática de salud a nivel mundial, entre las principales bacterias asociadas se encuentra *P. aeruginosa* la cual presenta cepas con panresistencia, debido a la gran cantidad de mecanismos de resistencia a antibióticos que posee. Se ha reportado que provoca el 10% de infecciones adquiridas a nivel mundial en hospitales, provocando fuertes infecciones que desencadenan en sepsis y bacteriemias (1). El extracto de café tiene una gran cantidad de compuestos fitoquímicos con un alto potencial antioxidante y antimicrobiano, que lo hacen una alternativa de aplicación en diferentes áreas (2). El uso de nanopartículas metálicas y biopoliméricas se ha extendido a diferentes áreas, debido a sus propiedades, entre ellas destacan ser un buen vehículo de sustancias medicamentosas (3). Por tal motivo el objetivo de este trabajo es sintetizar nanopartículas de oro y de quitosano con extracto de café para inhibir el crecimiento de *P. aeruginosa*.

Metodología. Se realizó la extracción de café, se liofilizó y se realizaron pruebas fitoquímicas, pruebas antioxidantes, FTIR y HPLC. Los nanoencapsulados de quitosano se sintetizaron por el método de gelación iónica usando dos pesos moleculares (bajo y medio). Las nanopartículas de oro se biosintetizaron por el método de reducción química, posteriormente se realizará la caracterización de ambos tipos de nanopartículas. Las pruebas de inhibición se realizarán por método de sensidiscos, turbidimetría y MIC.

Resultados y discusión. Se elaboraron extractos a 10^6 Bx con un pH de 4.5, se realizaron 12 pruebas fitoquímicas que indicaron la alta presencia de: esteroides, quinonas, flavonas, alcaloides, fenoles, insaturaciones, cumarinas, antocianinas, flavonoides y lactonas. En las pruebas antioxidantes realizadas se observó un alto contenido de fenoles totales, un alto contenido de flavonoides totales, la prueba FRAP reveló una alta capacidad antioxidante del extracto incluso diluido, en la prueba de DPPH el porcentaje de inhibición de oxidación fue de 57.23% concluyendo en una alta capacidad antioxidante. El cromatograma obtenido en HPLC mostró la presencia de cafeína en 260nm (10.15 mg/mL), ácidos clorogénicos (30.56 mg/mL) y ácido cafeico (6.11 mg/mL) en 330nm. Estos resultados se corroboraron con el espectro FTIR donde se observa la presencia de bandas de absorción asociadas a estos compuestos. Una vez obtenidos los nanoencapsulados de quitosano PB (peso bajo) y PA (peso medio) a diferentes concentraciones del extracto, se obtuvo el porcentaje de encapsulación (%EEI y %EEC), donde se observa una tendencia creciente además de la presencia en FTIR del pico 1218 cm^{-1} que es un enlace entrecruzante entre el TPP y el CHI, es decir la formación de nanoencapsulados. Además, se ha observado que según el peso del quitosano utilizado también varía el %EEC y el %EEI.

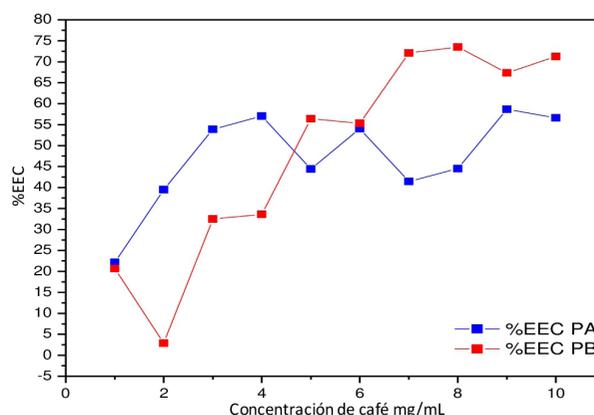


Figura 1. Gráfica del %EEC de PA (peso medio) y PB (peso bajo).

Conclusiones y perspectivas. El extracto de café tiene una gran cantidad de compuestos bioactivos, entre ellos los ácidos clorogénicos, los cuales tienen una gran capacidad antioxidante y antimicrobiana. Los nanoencapsulados parecen tener una tendencia creciente según aumenta la concentración de extracto aplicado durante la síntesis. Se elegirán los porcentajes de encapsulación más altos para las pruebas de inhibición. Como perspectiva futura se recomienda seguir con la caracterización de los nanoencapsulados y la síntesis de las nanopartículas de oro para poder encontrar la mejor opción para la inhibición del crecimiento de *P. aeruginosa*.

Agradecimientos. Se agradece al apoyo brindado por la institución del CONACYT y la institución del CIBA-IPN.

Referencias.

- Crone S., Vives-Flóres M., Kvich L., Saunders A. M., Malone M., Nicolaisen M.H., Martínez García E., Rojas-Acosta C., Gómez-Puero M. C., Calum H., Whiteley M., Kolter R., Bjarnsholt T. 2019. The environmental occurrence of *Pseudomonas aeruginosa*. *APMIS*. 128(3):220-231.
- Bonilla-Nepomuceno G., Ríos-Corripio M. A., Gómez-Merino F.C., Méndez-Rojas M. A., Arcila-Lozano L. S., Hernández-Cázares A. S., Rojas-López M. 2021. Analysis by response surface methodology of gold nanoparticles obtained by green chemical reduction using aqueous coffee pulp extract (*Coffea arabica*). *Can. J. Chem.* 99:519-530.
- Arya S. S., Sharma M. M., Das R. K., Rookes J., Cahill D., Lenka S. K. 2019. Vanillin mediated green synthesis and application of gold nanoparticles for reversal of antimicrobial resistance in *Pseudomonas aeruginosa* clinical isolates. *Heylon*. 5(7):1-11.



EFFECTO DE QUERCETINA EN LA MODULACIÓN DEL CYP450 Y ESTRÉS DEL RETÍCULO ENDOPLÁSMICO EN HÍGADO GRASO GRASO NO ALCOHÓLICO DE RATAS OBESAS

Mercedes Uriyah Velazquez Romero, Ángel Miliar García, Aaron Dominguez López, María Eugenia Jaramillo Flores*, Jorge Cornejo Garrido*.

jcornejoj@ipn.mx
ENMH

Palabras clave: EHGNA, UPR, CYP450, miRNAs

Introducción. La enfermedad de hígado graso no alcohólico (EHGNA) afecta entre el 20-30% de la población mundial y se caracteriza por la acumulación excesiva de lípidos en el citoplasma de los hepatocitos. Se ha mencionado que las enzimas citocromo P450 (CYP450) participan en el desarrollo de esteohepatitis no alcohólica y el estrés del RE (1). La acumulación hepática de lípidos, conduce al desarrollo de estrés del retículo endoplásmico (RE) y en consecuencia se activa la respuesta a proteínas desplegadas (UPR) (2). Existe evidencia sobre una desregulación de los miRNAs implicada en la aparición y el desarrollo de EHGNA (3). Se ha observado que algunos polifenoles tienen la capacidad de inhibir la actividad de las enzimas citocromo, modular la activación de la vía UPR y la expresión de microRNAs, contribuyendo en la modulación de proteínas clave (1). Por lo tanto el objetivo de este trabajo es determinar si los polifenoles como la quercetina podrían reducir la esteatosis hepática así como el estrés del retículo endoplásmico, mediante la inhibición del CYP450 y la regulación de la expresión de microRNAs implicados en la activación de estas vías, esto en un modelo murino de hígado graso no alcohólico inducido por la dieta.

Metodología. Utilizamos bases de datos y herramientas web (www.mimnet.ca, <https://rgd.mcw.edu/>, www.maintainer.org) para encontrar microRNAs asociados a la EHGNA, la vía UPR y CYP450. Se utilizó mimnet para construir una red de interacción entre los microRNAs y sus genes blanco. Para el estudio *in vivo* se utilizaron 36 ratas wistar divididas en 4 grupos experimentales. 1: Dieta estándar durante todo el experimento (SD-sn) sin ningún tratamiento; 2: Dieta alta en grasas (HF) sin ningún tratamiento (HF), 3: Dieta HF y pioglitazona 30 mg/Kg (HF+P), 4: Dieta HF y quercetina 100 mg/Kg (HF+Q). Todos los tratamientos se administraron diariamente durante 15 semanas.

Resultados y discusión. A partir del análisis bioinformático se encontraron microRNAs asociados al estrés del retículo endoplásmico y citocromos (miR-26, miR-25, miR-27, miR-128, miR-132, miR-182) (Figura 1). Algunos de estos mirnas pueden mejorar el estado metabólico de las células hepáticas al regular vías y moléculas redox clave, afectando así la progresión de NAFLD. Como miR-26 su expresión es inducida por el estrés del RE y puede atenuar esta condición al modular a eIF2a. Mientras miR-27 inhibe la expresión de Nrf2, lo que conduce a una mayor producción de ROS y acumulación de lípidos.

El modelo *in vivo* mostró para la semana 12 una clara diferencia del peso corporal entre los grupos tratados con dieta alta en grasas en comparación con el control sano el cual recibió una dieta estándar (Figura 2). Hasta ahora no se ha observado una diferencia significativa del peso corporal en los grupos alimentados con HF, sin embargo podrían observarse diferencias en los resultados del análisis bioquímico así como histológico. En otros estudios donde se ha evaluado el efecto de quercetina en modelos murinos con EHGNA

inducidos por HF, se observó una disminución de la esteatosis, de la resistencia a la insulina, inflamación y aminotransferasas, así como una mejoría en la histología del tejido hepático.

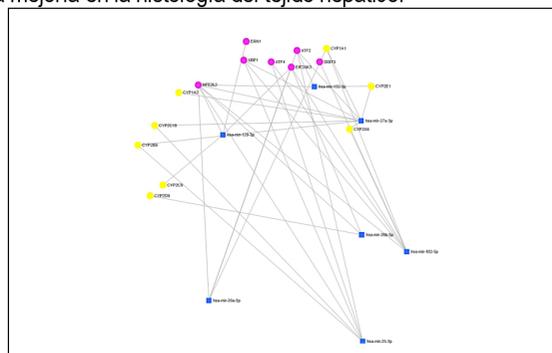


Figura 1. Diagrama de interacción de miARN y su regulación de genes blanco, generado mediante la plataforma online miRNet. En rosa se observan genes relacionados con la vía UPR, en amarillo los genes de citocromos y en azul los microRNAs.

Conclusiones y perspectivas.

A partir de los análisis bioinformáticos se encontraron microRNAs posiblemente asociados al estrés del retículo endoplásmico y citocromos, sin embargo, solamente 2 de estos ya han sido asociados al estrés del retículo endoplásmico en la EHGNA (miR-26 y miR-27), por lo tanto se propone evaluar los restantes en el contexto de esta enfermedad.

Hasta ahora se concluyó el desarrollo del modelo *in vivo* y se pretende continuar con el análisis del perfil hepático de ratas con EHGNA, así como evaluar el efecto de la quercetina sobre la esteatosis en el tejido hepático de las ratas y posteriormente determinar la modulación de microRNAs y RNAm asociados al CYP450 y la vía del estrés del retículo endoplásmico.

Agradecimientos. Agradecemos al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCYT) por la beca otorgada a Velazquez Romero, y al Programa Institucional de Formación de Investigadores por la beca BEIFI (20240608).

Referencias.

1. Wang, K., Tan, W., Liu, X., Deng, L., Huang, L., Wang, X., & Gao, X. 2021. New insight and potential therapy for NAFLD: CYP2E1 and flavonoids. *Biomed. Pharmacother.* Volumen (137): 111326.
2. Lebeauin, C; Vallée, D; Hazari, Y; Hetz, C; Chevet, E; Bailly-Maitre, B. 2018. Endoplasmic reticulum stress signalling and the pathogenesis of non-alcoholic fatty liver disease. *J. Hepatol.* Volumen (69,4): 927-947
3. Gjorgjieva, M., Sobolewski, C., Dolicka, D., de Sousa, M. C., & Foti, M. 2019. miRNAs and NAFLD: from pathophysiology to therapy. *Gut.* Volumen (68,11): 2065-2079.



EVALUACIÓN DEL SESQUITERPENO MS3 ASOCIADO A NANOPARTÍCULAS DE SÍLICE MESOPOROSAS EN CÁNCER DE MAMA.

Ivan Tepale Ledo, Iannel Reyes Vidal, Emma Elisa Ortiz Islas, Miguel Ángel Reyes López, David Guillermo Pérez Ishiwara, y María del Consuelo Gómez García*
cgomezg@ipn.mx
 ENMH

Palabras clave: Cáncer de mama, sesquiterpeno, nanopartículas de sílice mesoporosas.

Introducción. El cáncer de mama es una enfermedad relevante debido a su incidencia y mortalidad (1). Los tratamientos existentes pueden generar efectos adversos y una alternativa es el uso de metabolitos secundarios como el MS3, caracterizado a partir de la subfracción 2.1 del AE de *D. bicolor* que potencialmente tiene efecto anticancerígeno. Sumado a lo anterior una manera para continuar estudiando el efecto del MS3 es mediante el uso de la nanomedicina (2), ya que nos permite asociar moléculas a nanopartículas de sílice mesoporosas funcionalizadas con ácido fólico (MSN-FA) con la finalidad de dirigir las selectivamente a células tumorales de mama (3). Por lo tanto, fue el objetivo evaluar el efecto del MS3 asociado a MSN-FA en modelos de cáncer de mama *in silico* e *in vitro*.

Metodología. Con distintos softwares se determinó el potencial efecto anticancerígeno, expresión génica, parámetros farmacológicos, blancos e interacciones moleculares del MS3. Por otro lado, se realizó la síntesis y funcionalización de nanopartículas de sílice mesoporosas funcionalizadas con ácido fólico para dirigir las selectivamente hacia células de cáncer de mama. Además de manera inicial se evaluó el efecto citotóxico inducido por el MS3 sobre las células MDA-MB-231.

Resultados y discusión. Mediante el análisis computacional del MS3 se encontró que potencialmente presenta un efecto anticancerígeno, además de que su IC_{50} teórica en las células de cáncer de mama MCF-7 y MDA-MB-231 es de 3.278 μ M y 3.542 μ M, respectivamente. Por otro lado, se encontró que la exposición teórica del MS3 a las células tumorales podría desregular la expresión de 44 genes que estarían implicados en la síntesis de purinas, remodelación de cromatina, transporte de biomoléculas entre el núcleo-citoplasma, así como el ensamblaje de ribosomas. Los cuales son actividades importantes en el crecimiento tumoral. Lo anterior concuerda con lo reportado referente a que los sesquiterpenos son capaces de alterar el ciclo y división celular. Además, los blancos farmacológicos obtenidos pueden estar participando en la regulación de transducción de señales, procesos metabólicos, ciclo celular, e inducción de la apoptosis (figura 1). Se predijeron algunas características de toxicidad inducida por el MS3, encontrando que potencialmente no es hepatotóxico, nefrotóxico, ni carcinogénico, por lo que podría ser una molécula segura para su administración en un modelo *in vivo*. La síntesis de nanopartículas de sílice mesoporosas (MSN) se realizó mediante el método de Stöber, lo cual permitió la obtención de MSN de un tamaño aproximado de 100 nm que fueron analizadas mediante SEM y TEM, además un tamaño de poro de 3.27 nm, área de 980 m²/g, obteniendo una isoterma de tipo IV, lo cual hace referencia a materiales mesoporosos. Mediante la técnica difracción de rayos X se encontró que este tipo de MSN tiene una

estructura amorfa, lo cual es adecuado ya que se ha descrito que esta conformación estructural le confiere propiedades sobre la liberación selectiva de moléculas y la degradabilidad.

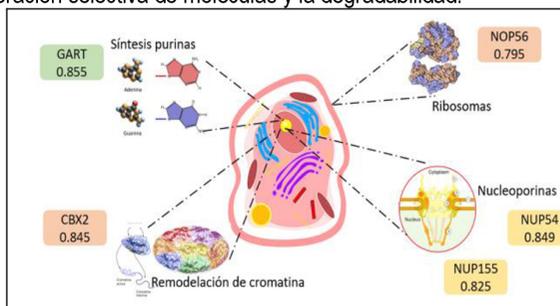


Figura 1. Predicción de mecanismos moleculares alterados tras la exposición teórica del MS3.

Mediante la FTIR se caracterizó que cada uno de los compuestos que integran a las MSN-AF acopladas al MS3. Finalmente, dentro de la caracterización se encontró que el porcentaje de liberación del MS3 de las MSN hasta las 72 h fue del 32%. Por otro lado, en cuanto a la evaluación biológica se determinó el efecto citotóxico inducido por el MS3 en las células de cáncer de mama MDA-MB-231, encontrando que este tiene un efecto anticancerígeno.

Conclusiones y perspectivas. El MS3 potencialmente posee un efecto anticancerígeno que puede inducir distintos mecanismos que activan la apoptosis. Las nanopartículas de sílice mesoporosas a las que se acopla el MS3 tienen un tamaño adecuado y presentan características conforme a lo esperado. El MS3 es capaz de inducir un efecto citotóxico en la línea celular MDA-MB-231 de cáncer de mama. Lo que continuará será la evaluación del MS3 acoplado a MSN-FA en un modelo murino bioluminiscente de cáncer de mama.

Agradecimientos. Durante el desarrollo de este proyecto se ha contado con la beca de Doctorado del CONAHCyT, con número de registro de becario; 968589. Además, de la Beca BEIFI del IPN.

Referencias.

1. Barzaman, K; Karami, J; Zarei, Z; Hosseinzadeh, A; Kazemi, M; Moradi-Kalbolandi, S; Safari, E; Farahmand, L. 2020. Breast cancer: Biology, biomarkers, and treatments. *Int. Immunopharmacol.*, 84 (106535); 1-10.
2. Najahi-Missaoui, W; Arnold, R; Cummings, B. 2021. Safe nanoparticles: Are we there yet? *Int. J. Mol. Sci.*, 22 (385), 1–22.
3. Ramírez C. 2020. Caracterización química y evaluación del efecto citotóxico de las sub-fracciones de *Decatropis bicolor* en líneas celulares de cáncer de mama. Instituto Politécnico Nacional. Laboratorio de Biomedicina Molecular 1.



VIGILANCIA POST-VERIFICACIÓN DE LA ELIMINACIÓN DE LA ONCOCERCOSIS EN MÉXICO

Francisco Joel Cabrera Santos, Nadia Angélica Fernández Santos, Mario Alberto Rodríguez Pérez*.

mrodriguez@ipn.mx.

CBG Reynosa

Palabras clave: *Oncocercosis, vigilancia, pos-verificación, filarias, control, epidemiología.*

Introducción. La oncocercosis, una enfermedad debilitante causada por *Onchocerca volvulus* y transmitida por moscas negras del género *Simulium*, es una importante enfermedad de salud pública global, afectando a millones de personas y generando importantes repercusiones socioeconómicas. Aunque se ha logrado eliminar la transmisión del parásito en 4 países de América Latina (México, Guatemala, Colombia y Ecuador), persiste un posible recrudescimiento de la transmisión, vinculado a movimientos sociales, migratorios ó cambios climáticos globales. La medición de las tasas de infección-infectividad en los vectores mediante PCR O-150 se considera clave para detectar niveles de transmisión cuando está a nivel muy bajo (0.05%). Además, la evaluación de la exposición a *O. volvulus* medida a través de anticuerpos contra el antígeno Ov-16 también es útil porque nos indica transmisión. En este contexto, los ensayos serológicos en menores de 15 años de edad es una población centinela para verificar el estado de la situación epidemiológica. El trabajo de Guevara *et al.* (1) en Ecuador ha demostrado la utilidad de este enfoque, confirmando la ausencia de transmisión en comunidades hiperendémicas durante al menos 9 años. Este método de vigilancia epidemiológica es recomendado por la OMS y lineamientos de investigación de la comunidad científica internacional.

Planteamiento del problema. La oncocercosis, causada por el parásito *Onchocerca volvulus*, es un desafío de la salud pública en África, América y el Mediterráneo Oriental, afectando a millones de personas y poniendo en riesgo a más. A pesar de las estrategias de control y eliminación con tratamientos anti-parasitarios (*i.e.* Ivermectina) masivos, persisten interrogantes sobre si una vez suspendido el tratamiento, por muchos años (>10), la transmisión sigue eliminada. En México, focos históricos como Chiapas y Oaxaca son un área de oportunidad ya que se ha comprobado la eliminación de la enfermedad; sin embargo, subyace la necesidad de vigilancia pos verificación de eliminación del flagelo de enfermedad.

Justificación. El objetivo de este proyecto es realizar una vigilancia pos-verificación de la eliminación de la oncocercosis en México, destacando la importancia de monitorear la transmisión parasitaria, de manera indirecta, a través de tasa de seroprevalencia (exposición al parásito) de anticuerpos anti-*O. volvulus* en menores de 15 años. Igualmente, se evaluará el componente entomológico de transmisión directa. Los resultados se publicarán en revistas científicas y se participará en conferencias y foros de discusión; servirán como justificación sólida para informar sobre la política de eliminación de la enfermedad seguida en México. Además, beneficiarán directamente a programas de salud, investigadores y comunidades afectadas, proporcionando una base científica robusta para mejorar la atención y promover el bienestar de estas poblaciones vulnerables (campesinos indígenas y mestizos) de Oaxaca y Chiapas en México.

Objetivo general. Realizar un estudio epidemiológico post verificación de la eliminación de la transmisión de la oncocercosis en

los focos históricamente endémicos (eliminados) de México mediante estudios entomológicos y serológicos.

Objetivos particulares. 1. Evaluar la transmisión parasitaria del vector primario *Simulium ochraceum s.l.* en dos focos históricamente endémicos (eliminados) de oncocercosis en México. 2. Determinar la seroprevalencia de anticuerpos OV-16 en menores de 15 años que residen en áreas históricamente endémicas de oncocercosis. 3. Contrastar los hallazgos epidemiológicos con los indicadores establecidos por la OMS y la comunidad científica internacional.

Estrategia metodológica. Los métodos son como lo indica la OMS, el Programa para la Eliminación de la Oncocercosis en las Américas (OEPA) y la comunidad científica internacional, considerando los dos componentes epidemiológicos: entomología y serología en menores de 15 años de edad. Se llevará a cabo recolecta de moscas *S. ochraceum s.l.* y se procesarán mediante la técnica de tamizaje de pools O150-PCR, recolectando un mínimo de 6,000 moscas por comunidad en comunidades centinela y extra-centinela históricas durante el período de pico de transmisión. El tamaño del pool será de 200 moscas/pool. Los productos de PCR serán detectados mediante una prueba acoplada a ELISA. Como alternativa, se podrá usar la técnica de PCR tiempo real. Además, se realizará una encuesta serológica, examinando 3,000 niños menores de 15 años para detectar anticuerpos IgG4 contra el antígeno recombinante Ov-16 por ELISA. Se considerará que una prevalencia de anticuerpos contra Ov-16 <0.1% significa que la transmisión sigue eliminada, conforme lineamientos de la OMS. Igualmente, se considerará que una tasa de infectividad <0.05%, indica un nivel de transmisión indetectable. Ambas tasas son el límite de confianza superior de un intervalo de confianza estadístico al 95% según OMS.

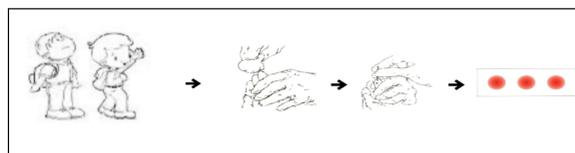


Figura 1. Uso de papel filtro TropMed (OMS) para tomas de muestra de sangre seca en menores de 15 años .

Resultados esperados. Implementación y evaluación de un programa de vigilancia post-verificación epidemiológica de la eliminación de la oncocercosis en dos focos históricos de la enfermedad de México.

Referencias.

1. Guevara Á, Salazar E, Vicuña Y, Hassan HK, Muro A, Guderian R, et al. Use of Ov16-Based Serology for Post-Elimination Surveillance of Onchocerciasis in Ecuador. *Am J Trop Med Hyg* [Internet]. 2020 Oct 1 [cited 2024 Apr 25];103(4):1569. Available from: /pmc/articles/



DESARROLLO DE BIOSENSORES TATUADOS PARA EL MONITOREO DE DIABETES *MELLITUS* TIPO 2 EN UN MODELO EN RATÓN

Jesús Javier Pastrana Carballo, Raúl Jacobo Delgado Macuil*, Fernando Gómez Chávez*
rdelgadom@ipn.mx, fgomezch@ipn.mx
 ENMH

Palabras clave: *Biosensores tatuados, Control de glucosa, Diabetes mellitus tipo 2.*

Introducción. En México, la diabetes mellitus tipo 2 (DM2) ocupa el octavo lugar a nivel mundial en prevalencia (1). Para su monitoreo continuo se requiere de procedimientos invasivos frecuentes como la extracción sanguínea por punción. Los biosensores tatuados ofrecen una alternativa para la medición de glucosa en tiempo real. Podrían ser usados para monitorear a personas con DM2 y aquellos que buscan prevenir el desarrollo de esta enfermedad (2-4).

Metodología: En este estudio, se llevó a cabo el desarrollo in vitro de un biosensor tatuable para la detección de glucosa, utilizando una combinación de azul de timol, fenoltaleína, rojo de metilo, azul de bromofenol, glucosa oxidasa, y diferentes concentraciones de glucosa: 0 mg/dL, 54 mg/dL, 108 mg/dL y 180 mg/dL. Adicionalmente, el biosensor se tatuó en cortes de piel de cerdo, los cuales fueron sumergidos en solución de glucosa a las mismas concentraciones probadas in vitro.

Resultados y discusión. In vitro, el biosensor permite identificar la concentración de glucosa según el cambio de color observado (Fig. 1).

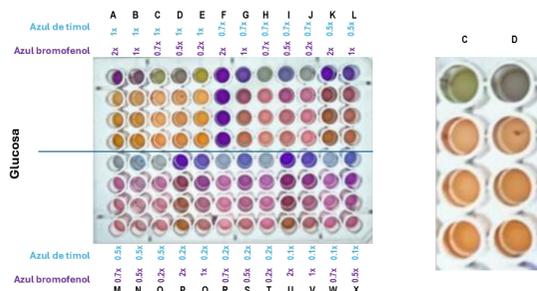


Figura 1. Estandarización de tinta biosensor de glucosa en solución con distintas concentraciones de azul timol y azul bromofenol.

A continuación, se probó la tatuabilidad de las soluciones candidatas: A, B, C, D y E en cortes ex vivo de piel de porcino con un área de 1 cm² y se evaluó su capacidad de detectar diferentes concentraciones de glucosa observando cambios de color en el tatuaje (Fig. 2).

Conclusiones y perspectivas. In vitro y ex vivo, el cambio de color del biosensor permite detectar diferentes concentraciones de glucosa en solución. Se requiere continuar evaluando la capacidad sensora de glucosa de este biosensor tatuado en términos de estabilidad, y sensibilidad a largo plazo in vivo. En este sentido, el biosensor tatuado se probará en un modelo de ratón de diabetes inducida por dieta hipercalórica. Los ratones serán tatuados con el biosensor en la cola, se monitoreará el peso, la glucemia capilar y se capturarán

imágenes de los tatuajes para correlacionar los valores colorimétricos con los cambios en la concentración de glucosa determinada por punción.

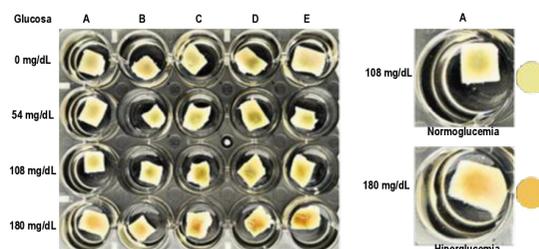


Figura 2. Evaluación de tatuabilidad de la tinta biosensor de glucosa.

Agradecimientos Beca de doctorado – CONAHcyT.

Referencias.

- Font-López, K.C., Gutiérrez-Castañeda, M.R. (2017). Diagnóstico de diabetes gestacional en población mexicana. *Ginecol Obstet Mex* 85(2): 116-124.
- Vega, K., Jiang, N., Liu, X., Kan, V., Yetisen, A., Paradiso, J. (2017). The Dermal Abyss: Interfacing with the Skin by Tattooing Biosensors. *ACM* 978-1-4503-5188.
- Yetisen, A.K., Moreddu, R., Seifi, S., Jiang, N., Vega, K., Dong, X., Dong, J., Butt, H., Jakobi, M., Elsner, M., Koch, A.W. (2019). Dermal Tattoo Biosensors for Colorimetric Metabolite Detection. *Wiley-VCH Verlag GmbH & Co* 58.
- He, R., Liu, H., Fang, T., Niu, Y., Zhang, H., Han, F., Gao, B., Li, F., Xu, F. (2021). A Colorimetric Dermal Tattoo Biosensor Fabricated by Microneedle Patch for Multiplexed Detection of Health-Related Biomarkers. *Adv. Sci.* 8: 2103030.



ANÁLISIS DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN NIÑOS CON OBESIDAD DE COMUNIDAD INDÍGENA VS URBANA Y SU PREDISPOSICIÓN AL DESARROLLO DE ENFERMEDADES

Francia Amairani Avalos Saldaña, Martha Sosa Macías, Karina Janett Juárez Rendón*.

kjuarezr@ipn.mx

CBG Reynosa

Palabras clave: *Obesidad infantil, microbiota intestinal, metagenómica, comunidad indígena.*

Introducción. La obesidad es una enfermedad crónica, de origen multifactorial, que se caracteriza por generar una acumulación anormal o excesiva de grasa, que puede tener repercusiones importantes en la salud de quien la padece (1). México se ubica entre los primeros lugares de obesidad infantil, con una tasa del 34.4% en niños de 5 a 11 años (2). La microbiota intestinal, es la más grande y compleja del cuerpo humano, esta mantiene un comportamiento de simbiosis y mutualismo con el humano y es esencial para mantener la salud y el funcionamiento adecuado de los demás aparatos y sistemas (3); sin embargo, la alteración (disbiosis) en la composición de esta microbiota, puede relacionarse con enfermedades como diabetes, cáncer, o enfermedades autoinmunes a corto, mediano y/o largo plazo (2), que están llevando a emplear técnicas de biología molecular para su estudio y asociación a ellas (3). Particularmente, la región 16S rRNA, ha sido usada en los últimos años para caracterizar, identificar y clasificar la microbiota bacteriana de una muestra, desde el filo, hasta su especie (4). Las comunidades indígenas aisladas, se han utilizado como modelos para este tipo de investigaciones, ya que su estilo de vida contrasta completamente con el estilo occidentalizado que prevalece en las comunidades urbanas (3).

Planteamiento del problema. En los últimos años, se ha presentado un incremento de sobrepeso y obesidad infantil debido a diferentes factores, tales como el estilo de vida y tipo de dieta; la microbiota intestinal normal y anormal, ha sido poco estudiada en infantes de entre 5 y 11 años. La obesidad y otras comorbilidades, podrían ser consecuencia de su desbalance.

Justificación. La obesidad es una enfermedad crónica, de origen multifactorial, que afecta a todos los géneros y grupos de edad a nivel mundial; la cual se ha convertido en un importante problema de salud pública, dada su asociación con diferentes enfermedades y altos costos de atención médica.

En los últimos años, diferentes autores han asociado la obesidad presente en adultos, con alteraciones en la microbiota intestinal. En niños no se ha evaluado con exactitud y no existen estudios que comparen poblaciones indígenas y urbanas durante la niñez, etapa clave para el manejo correcto y oportuno de esta y otras enfermedades.

Bajo este contexto, es importante comprender cómo se comporta la microbiota intestinal en la población infantil con obesidad y su predisposición con el desarrollo de diferentes comorbilidades en el futuro. Por tanto, la identificación de biomarcadores metagenómicos asociados al desarrollo de esta enfermedad, enriquecerá sus bases moleculares y ayudará a establecer un adecuado manejo terapéutico en la población infantil.

Objetivo general. Analizar la composición de la microbiota intestinal en niños con obesidad de comunidad indígena vs urbana y determinar su predisposición al desarrollo de enfermedades.

Objetivos particulares.

- 1) Obtener y analizar las características clínico-demográficas y antropométricas de niños obesos de 5-11 años, de comunidad indígena y urbana.
- 2) Identificar y caracterizar la composición bacteriana presente en su microbiota intestinal.
- 3) Evaluar la estructura y diversidad bacteriana que forma parte de su microbiota intestinal.
- 4) Identificar las enfermedades que pudieran presentar en el futuro.
- 5) Realizar el análisis estadístico para comparar los diferentes grupos de población.

Estrategia metodológica. Se realizará un análisis antropométrico e historia clínica de niños con y sin obesidad de una comunidad indígena y urbana. Se recolectarán muestras de heces de las que se extraerá ADN utilizando un método de precipitación con sales. Para la evaluación metagenómica se analizará la región hipervariable 5' V2-V3 y 3' V3-V4 del gen 16S rRNA, en el equipo MiSeq de Illumina. El análisis de estructura y diversidad de las comunidades bacterianas se analizará mediante el índice de Shannon y Simpson. Para el análisis de las características clínico-demográficas se utilizará estadística descriptiva (media y frecuencia expresada en porcentajes) y se empleará *Chi-cuadrada* para la comparación entre grupos mediante el software SPSS v.23 (SPSS Inc., Chicago, IL), considerando una $P < 0.05$ como significativa.

Resultados esperados. La obesidad en niños de entre 5-11 años, de comunidad indígena y urbana, podría ser explicada por una disbiosis en la microbiota intestinal. La comparación de los datos obtenidos en este estudio y los previamente reportados, podría establecer la predisposición al desarrollo comorbilidades en las diferentes etapas de la vida, lo cual no ha sido reportado.

Referencias.

1. Organización Mundial de la Salud. 2021. Obesidad y sobrepeso. <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/obesity-and-overweight>
2. Maya-Lucas, O., Murugesan, S., Nirmalkar, K., Alcaraz, L. D., Hoyo-Vadillo, C., Pizano-Zarate, M. L., & García-Mena, J. 2019. The gut microbiome of Mexican children affected by obesity. *Anaerobe*, 55, 11–23.
3. Sánchez-Quinto, A., Cerqueda-García, D., Falcón, L. I., Gaona, O., Martínez-Correa, S., Nieto, J., & G-Santoyo, I. 2020. Gut Microbiome in Children from Indigenous and Urban Communities in México: Different Subsistence Models, Different Microbiomes. *Microorganisms*, 8(10), 1592.
4. Hernández, M., Quijada, N. M., Rodríguez-Lázaro, D., Eiros, J. M. (2020). Aplicación de la secuenciación masiva y la bioinformática al diagnóstico microbiológico clínico. *Rev. argent. microbiol.*, 52(2), 150-161.



Centro de Investigación en
Biotecnología Aplicada

Ex-Hacienda San Juan Molino Carretera
Estatad Tecuexcomac - Tepetitla K. 1.5,
Tlaxcala, C.P. 90700, México
www.cibatlaxcala.ipn.mx