





XXVII

Jornadas Académicas

Doctorado en Ciencias en Biotecnología

mayo 2024



CIIDIR

DURANGO

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>Blatella grmancia</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 TRASCRIPCIÓN 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> UROPATOGÉNICA 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 ABCC1 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 johnstonni</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
BIOSÍNTESIS DE NANOPARTICULAS DE ORO (AUNP ´S) Y NANOENCAPSULACIÓN DE EXTRACTOS DE CAFÉ (COFFEA ARABICA L.) PARA LA INHIBICION DE <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	113
EFFECTO 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.

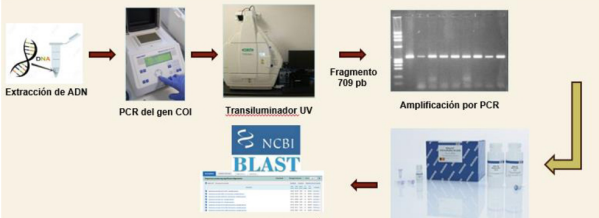


Figura 1. Metodología a seguir para pruebas de PCR y purificación de fragmentos de ADN.

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., Proctotrupoidea). *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.

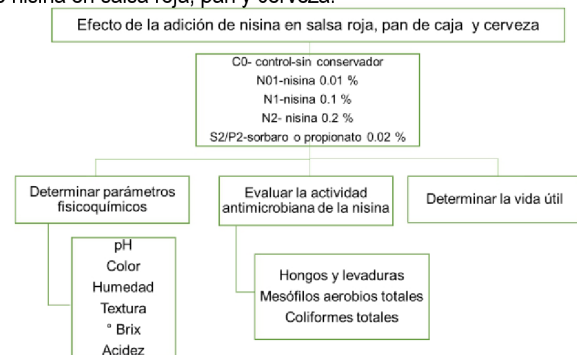


Figura 1. Desarrollo experimental para evaluar el efecto de la adición de nisina

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 homeados, 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.

- 1.- 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).
- 2.- 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.
- 3.- 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 diferencias las especies de *Agave* analizadas.

Referencias.

1. 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.
2. 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.
3. Lara-Ávila, J. P., Alpuche-Solís, Á. G. 2016. Análisis de la diversidad genética de agaves mezcaleros del centro de México. *Rev. Fitotec. Mex.*, 39, 323-330.
4. 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*, María 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:

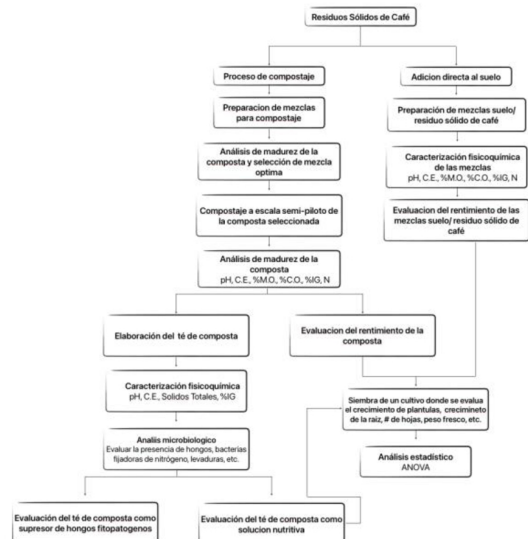


Figura 1. Diagrama de flujo experimental

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 composta 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 annuum*). 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 (Té) 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.

1. International Coffee Organization. 2021. <https://www.ico.org/prices/new-consumption-table.pdf>
2. López-Gómez, A. 2019. Tesis de maestría. IPN CIIDIR Unidad-Durango
3. 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 a 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 hospedadoras. 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).

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*

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.

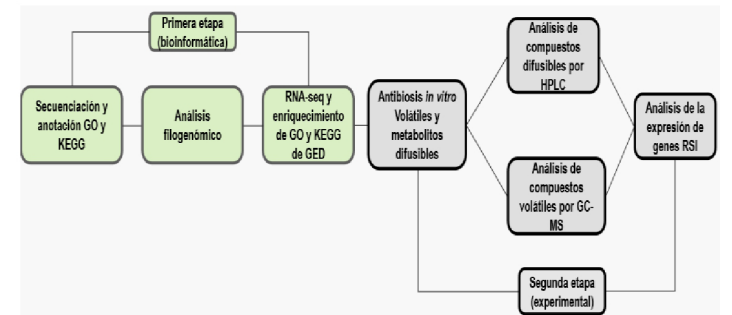


Figura 1. Estrategia general de trabajo

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

1. 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.
2. Abdallah, R., Stedel, C., Garagounis, C., Nefzi, A., Jabnoun-Khiareddine, H., Papadopolou, 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*.
rcastror@ipn.mx
CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: Amaranto, Estrés, Sequía, Fenología

Introducción. El amaranto es un pseudocereal de interés por el contenido nutricional y nutraceutico 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 nutraceutica 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 determino 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 se semilla para esta variedad, bajo la condición de estrés severo.

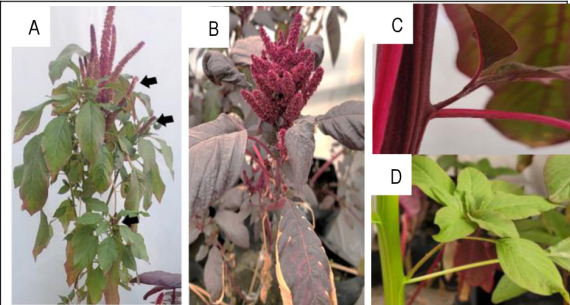


Figura 1. Especies de amaranto después de un periodo de sequía severo. Donde A, *A. hypochondriacus* var. "Gabriela" se indican con flechas los brotes y panojas axilares; B, *A. cruentus* var. "Magali"; C, brote axilar var. "Magali" y D, brote axilar var. "Gabriela".

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 quiensabe, 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).

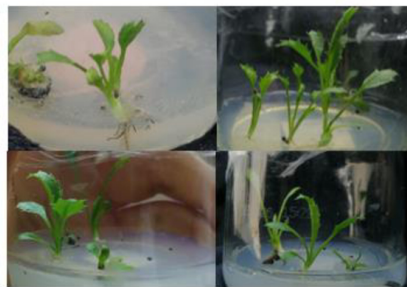


Figura 1. Plántulas de *E. beecheyanum* obtenidas a partir de la germinación *in vitro*.

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).

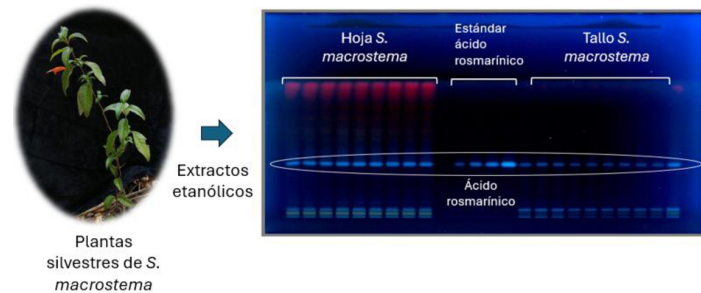


Figura 2. Perfil fitoquímico obtenido de extractos etanólicos de plantas silvestres de *S. macrostema*.

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, CIDIR-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 traspacios 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 Ruiz, 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).

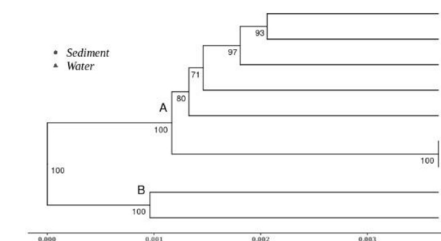


Figura 1. Dendrograma de la asociación entre cepas *P. aeruginosa*.

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.

1. Kaszab E, Radó J, Kriszt B, Pászti J, Lesinszki V, Szabó A, Tóth G, Khaledi A, Szoboszlai 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.
2. Pitondo-Silva, A., Gonçalves, G. B., & Stehling, E. G. 2016. Heavy metal resistance and virulence profile in *Pseudomonas aeruginosa* isolated from Brazilian soils. *Apmis.* 124(8): 681-688.
3. 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*.
rtorresr@ipn.mx

CIDIIR 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*.

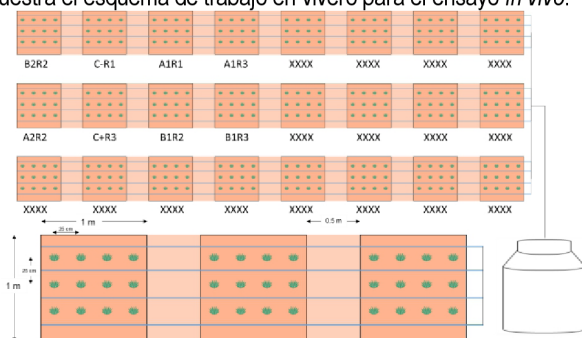


Figura 1. Esquema de trabajo para ensayo *in vivo* de estimulación de plántulas de *A. durangensis*: sistema de acolchado y riego por goteo, (bloques al azar, por triplicado).

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.

1. 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.
2. 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 ABSCÍSICO 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 APETALA 2/Ethylene-responsive element binding factor (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.

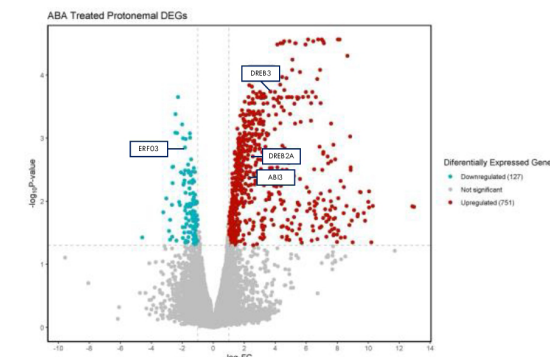


Figura 1. Ejemplos de genes de la familia de FTs AP2/ERF diferencialmente expresados en un tratamiento con ABA 10 μ M.

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.

1. 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.
2. 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.
3. 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
- Keb-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 Díaz.
rcastror@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.

	Primavera		Verano		Otoño		Invierno	
Fertilización	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).

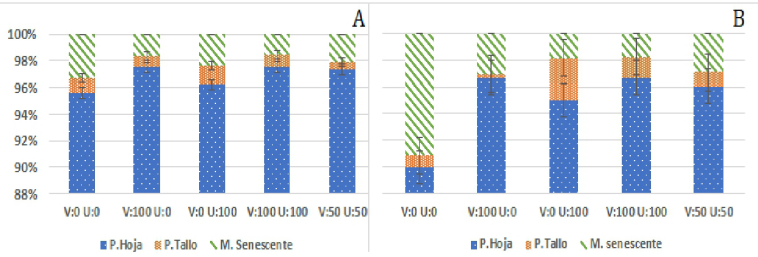


Fig. 1 Componentes morfológicos acumulados en un año con las frecuencias de corte de 4 semanas (A) y 6 semanas (B).

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.

- 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
- 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 "bioproming" 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 biocebadado 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 asociadas 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.

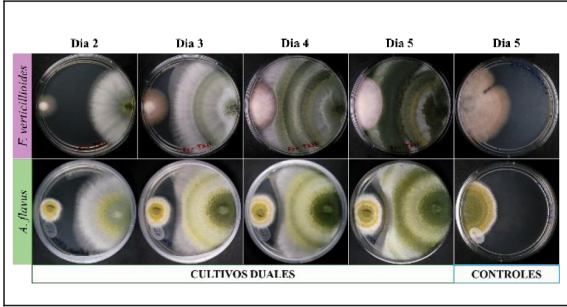


Figura 1. Cinética de la interacción antagonica de la cepa TK11 de *T. koningiopsis* sobre los fitopatógenos.

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 fluidizado.
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 tranformar 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 fluizado 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. Sience 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 °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 ± 0.623	10.069 ± 0.010	6.344 ± 0.311
EEPC	42.419 ± 3.330	16.201 ± 1.087	10.059 ± 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).

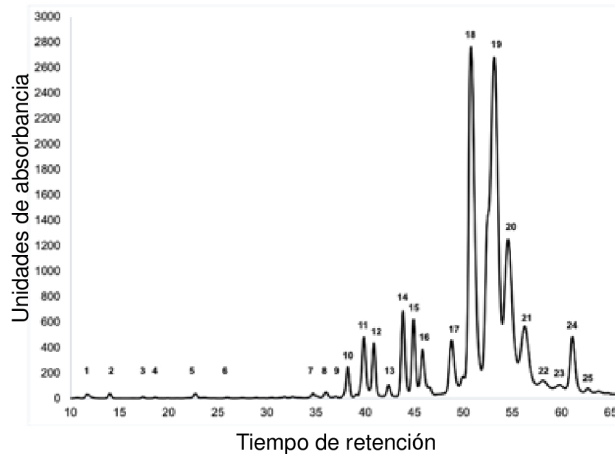


Figura 1. Cromatograma de HPLC-DAD para el extracto etanólico de propóleo registrado a 265 nm

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.2020.617978>
- Pellati F, Orlandini G, Pinetti D, Benvenuti 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	46	Morelos, Veracruz, Oaxaca y
botánicas		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.

- Caracterizar el microbioma no cultivable (meta genoma) de los quelites.
- Caracterizar el microbioma cultivable de los quelites.
- Tipificar la abundancia de levaduras de los quelites.
- 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.

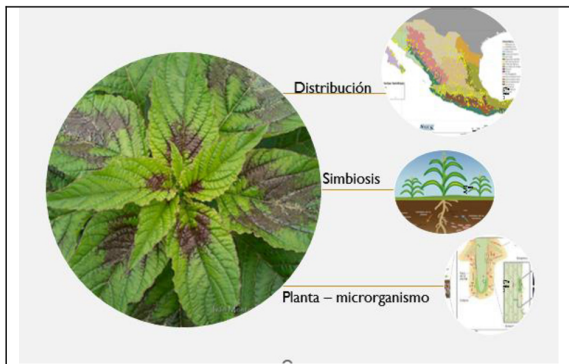


Figura 1. Interacción de los quelites con el medio

Resultados esperados.

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

Referencias.

- 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).
- Rodriguez, R. J. et al. Stress tolerance in plants via habitat-adapted symbiosis. *ISME J* 2, 404–416 (2008).
- Van der Lelie, D. et al. Poplar and its Bacterial Endophytes: Coexistence and Harmony. *Critical Reviews in Plant Sciences* 28, 346–358 (2009).
- 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, TTools, 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-colonizada (NM), colonizada por *R. irregularis* (M), no-colonizada infectado (NI) y colonizada 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-Gámez, R; Bueno-Ibarra, M; Cruz-Mendivil, A; Calderón-Vázquez, C; Ramírez-Douriet, C; Maldonado-Mendoza, I; Villalobos-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 Ríos-Melendez, Santiago V. Galván-Gordillo, Angélica C. Martínez-Navarro, Mishael Sánchez-Pérez, Ignacio Maldonado Mendoza, Analilia 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: Briofitas, 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).

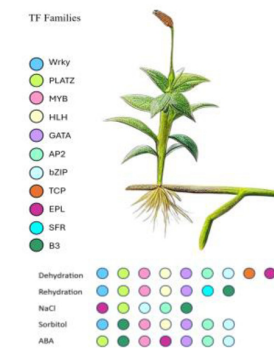


Figura 1. Familias de FTs identificados en los diferentes tipos de estrés en el musgo *P. replicatum*.

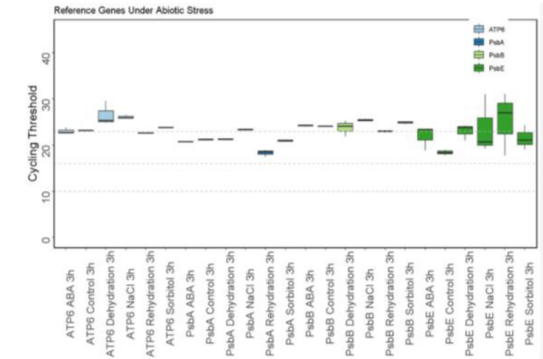


Figura 2. Distribución de los valores del ciclo de cuantificación (Cq) de los genes de referencia candidatos para el musgo *P. replicatum*.

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*, *CipP*, *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.

- 1.- 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
- 2.- : 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
- 3.- Ríos-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 TRASCRIPTÓMICA 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.

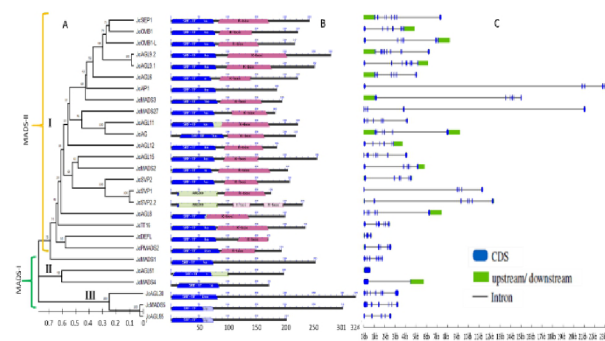


Figura 1. Caracterización in silico de genes de caja MADS de *J. curcas*. (A) Análisis UPGMA. (B) Ubicación de dominios. (C) Estructura de los genes.

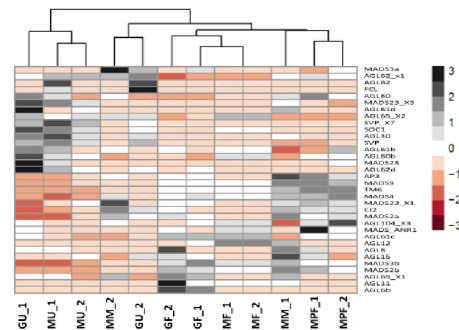


Figura 1. Heatmap de MADS diferencialmente expresados en *Jatropha curcas* monoica y ginoica. (Lfc ≥ 1.5 , FDR ≤ 0.01). GU: ginoica brote indiferenciado. GF: ginoica flor femenina. MU: monoica brote indiferenciado. MF: monoica flor femenina. MM: monoica flor masculina. MPF: monoica flor masculina de 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@ipn.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 dendrograma 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 (PDLF6, PDLF7 y PDLF8), 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.

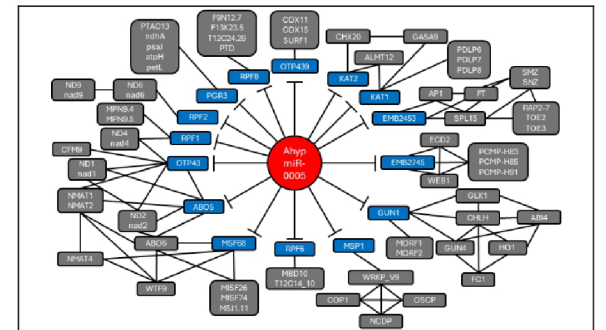


Figura 1. Diagrama modulación genética e interacción de Ahyp-miR0005 (Rojo), genes blancos (Azul) y proteínas asociadas (Gris).

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 CONAHACYT por el apoyo económico para llevar a cabo esta investigación.

Referencias.

- Binder, S; Hölzle, A; & Jonietz, C. (2011). RNA Processing and RNA Stability in Plant Mitochondria. *In Plant Mitochondria*. 3 (107–130).
- Martínez, M; Ruiz, 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).
- 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 130µg 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.

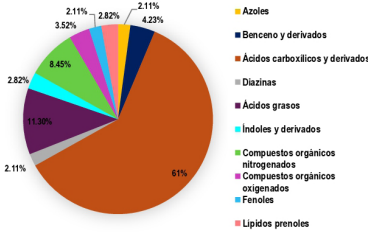


Figura 1. Clases químicas del veneno de *P. rugosus* del sitio 1

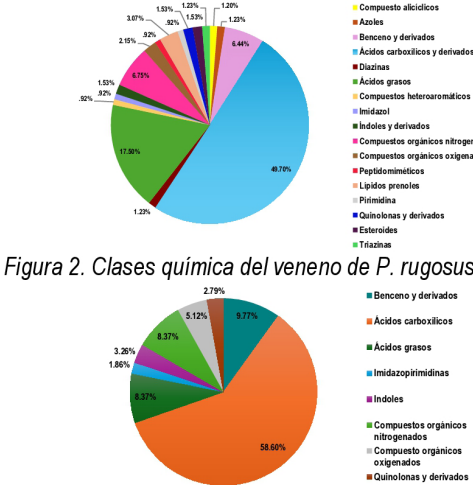


Figura 2. Clases química del veneno de *P. rugosus* del sitio 2

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, triazinas), 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, derives 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.

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

Experimental strategy.

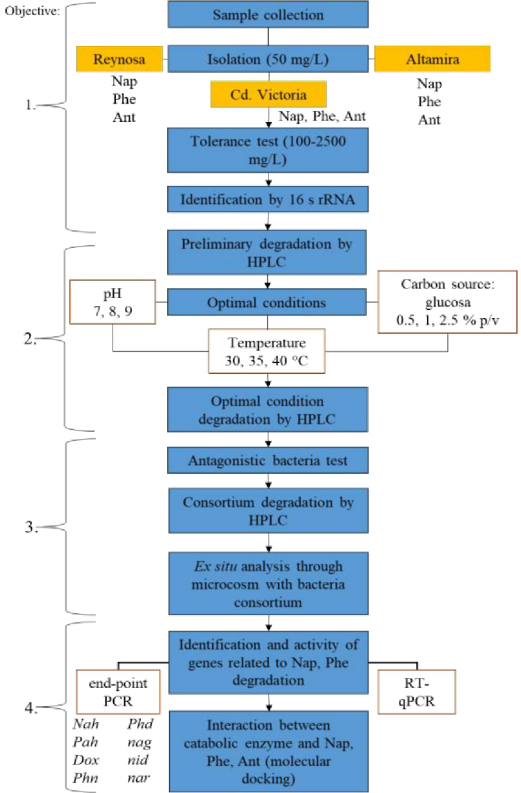


Figure 1. Flowchart of the experimental strategy for the study of bacteria isolates PAHs degradation.

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.

- Daâssi, D., & Qabil Almaghribi, F. (2022). Petroleum-contaminated soil: environmental occurrence and remediation strategies. *3 Biotech*. 12(6):139.
- 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.
- 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.
CIIIDIR Sinaloa

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

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.

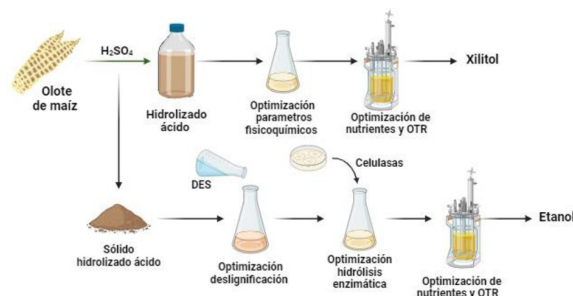


Figura 1. Estrategia experimental

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.

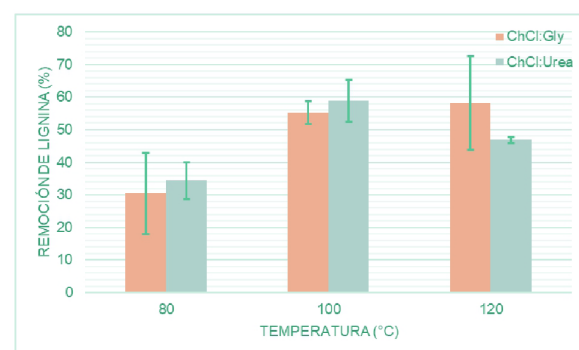


Figura 2. Efecto de la temperatura en la remoción de lignina utilizando solventes eutécticos profundos

Conclusiones y perspectivas. Se evaluó el efecto de la temperatura en la deslignificación 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 Dinorin 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 desearán 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 con la cepa 81C que fue de 136 µg/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 µg/ml como se observa en la Figura 1.

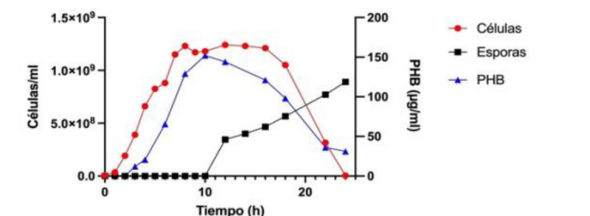


Figura 1. Fermentación a nivel reactor relación C:N 30

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 gibbon poderlas unir con Gfp y así obtener células de Bt transformantes como se observa en la Figura 2.

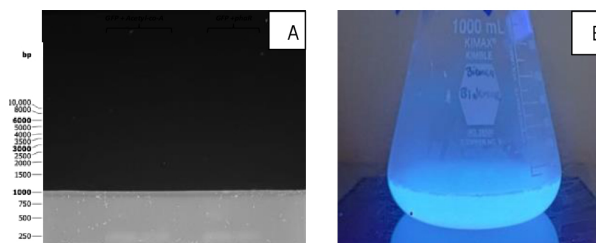


Figura 2. Construcción de cepas transformantes con fusiones transcripcionales. A) Ensamble gibbon, B) Cepas transformantes Bt

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.1700788>
- 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 etilica 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.

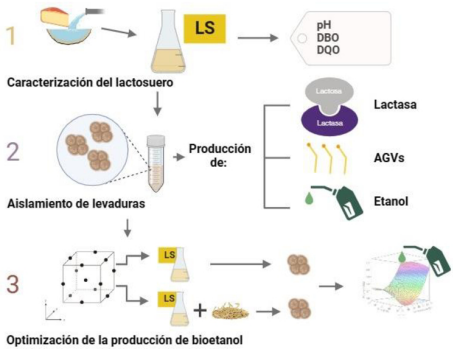


Figura 1. Estrategia experimental para la optimización de producción de etanol a partir de LS y mezclas de LS con RL.

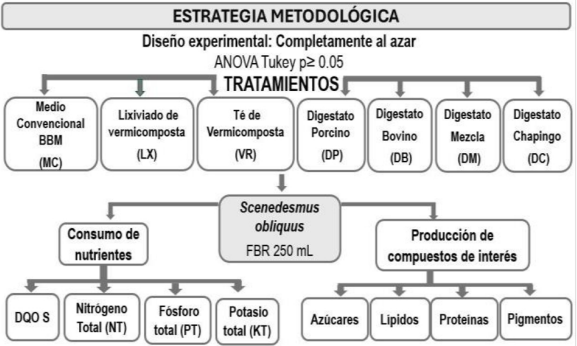
Resultados esperados. Se aislarán cepas autóctonas capaces de producir etanol a partir de lactosa. Se establecerá un protocolo para la producción de lactasa a partir de LS. Se definirán las condiciones óptimas para obtener una mayor producción de etanol a partir de LS y de mezclas de LS y RL. **Referencias.** 1. Asunis, F., De Gioannis, G., Dessi, P., Isipato, M., Lens, P. N. L., Muntoni, A., Poletini, 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 2. 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. 3. 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 4. Cámara Nacional de la Industria Lechera. (2022). Estadísticas del productor del Sector Lácteo 2011-2021. 1.

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 costosos. 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 fitorreguladores. 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).

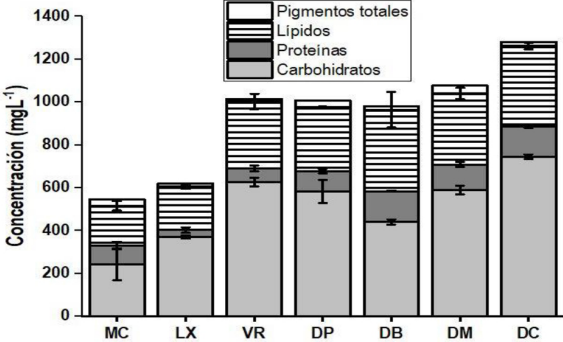


Figura 1. Producción de carbohidratos, proteínas, lípidos y pigmentos totales por *Scenedesmus obliquus* en diferentes medios de cultivo: Medio convencional Bold Basal Modificado (MC), Lixiviado de vermicomposta (VR), Digestato Porcino (DP), Digestato Bovino (DB), Digestato mezcla (DM) y Digestato Chapingo (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. 1. 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. 2. Tejeda-Benítez, L., Henao-Argumedo, D., Alvear-Alayón, M., & Castillo-Salazar, C. R. (2015). Caracterización y perfil lipídico de aceites de microalgas Characterization and lipid profile of oil from microalgae 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 H_3PO_4 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 -etilnilestradiol 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 μm con superficie rugosa y presencia de poros con tamaños de 3 μm ; 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 m^2/g ; estos valores son mayores a lo reportado por Rovani *et al.* (2014, 2016), en donde obtuvo 16.5 m^2/g para un adsorbente elaborado con una mezcla de café, aserrín y aceite y 209.9 m^2/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 m^2/g) fue el carbón activado elaborado a 800 °C durante 30 minutos y con una RI de H_3PO_4 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.

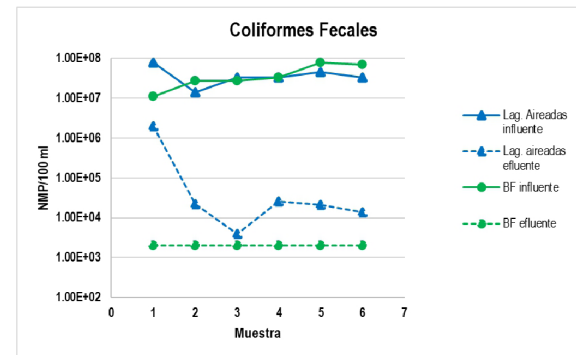


Figura 1. Remoción de Coliformes Fecales.

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%.

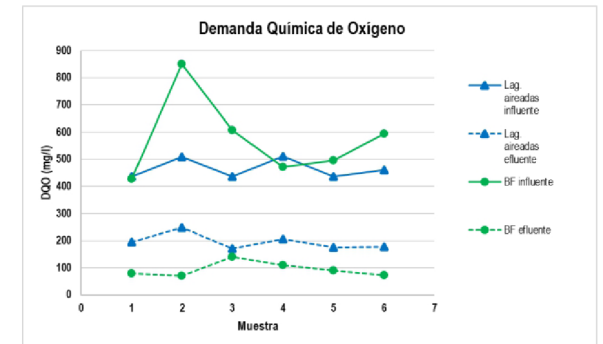


Figura 2. Remoción de DQO.

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 pulimiento 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 mas 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

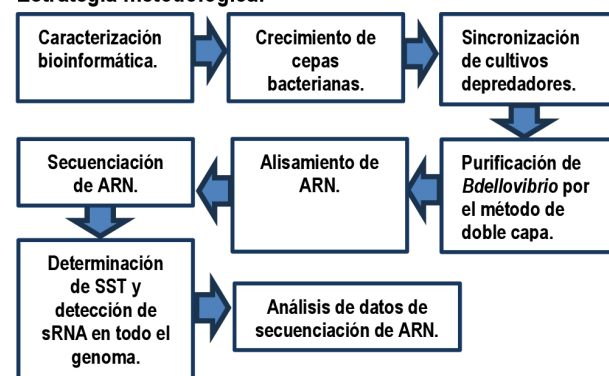
tener una mayor información, ya que un futuro *Bdellovibrio* podría ser un modelo de depredación bacteriana, al igual que se podría tener aplicaciones biotecnológicas en medicina, agricultura, farmacéutica entre muchas otras. Por ello, en este trabajo se propone la caracterización de ARN pequeños no 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 Lopez y Lopez*.

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 9genes 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 llevara 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.

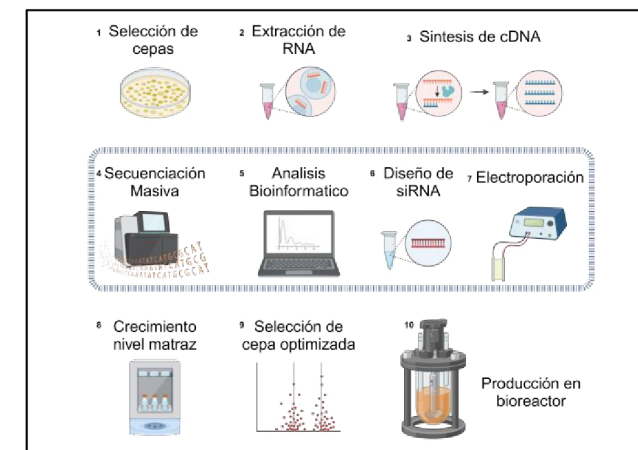


Figura 1. Estrategia experimental planteada.

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. Tolbia, 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*, pág. 87 (3): 913-23.
3. YvoA and CcpA repress the expression of chiB in Bacillus thuringiensis. Jiang, K., y otros. 2015, *Appl Environ Microbiol*, pág. 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 Garcia-Gutiérrez, Xianwu Guo.
*aluna@ipn.mx.
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).

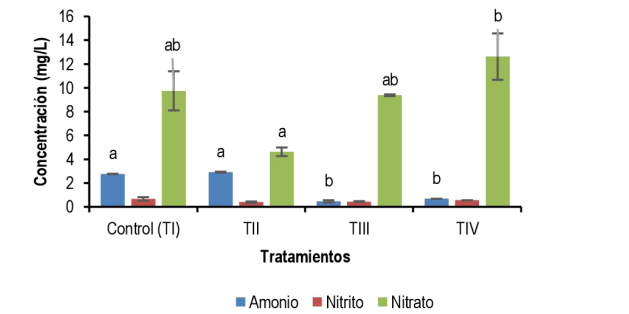


Figura 1. Concentración de amonio, nitritos y nitratos en el bioensayo 2. TI) bacilos + BAL, TII) BND; TIV) bacilos + BAL + BND, en el agua. Promedio ± error estándar.

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 Rodriguez Maria, Luna González Antonio, Guo Zhou Xianwu.*
Centro de Biotecnología Genómica, Laboratorio de Biotecnología Genómica, Reynosa, Tamaulipas, México.
Correo: xguo@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 *Pseudomona 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).

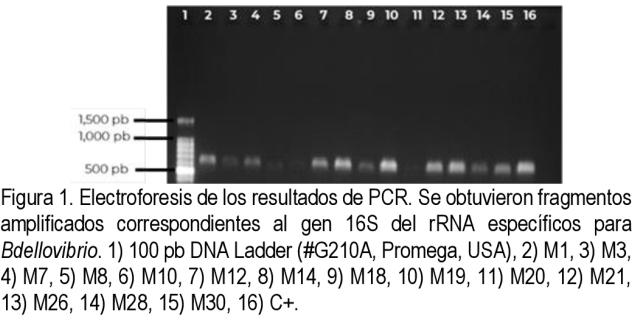


Figura 1. Electroforesis de los resultados de PCR. Se obtuvieron fragmentos amplificados correspondientes al gen 16S del rRNA específicos para *Bdellovibrio*. 1) 100 pb DNA Ladder (#G210A, Promega, USA), 2) M1, 3) M3, 4) M7, 5) M8, 6) M10, 7) M12, 8) M14, 9) M18, 10) M19, 11) M20, 12) M21, 13) M26, 14)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

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

Muestras	Primeras							
	BbsF216 BbsR707	BbsF	BbsHTR BbsMITR	213BbsF 1260BbsR	Per676F Per1443Rd	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 correspondiente clcastro@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.

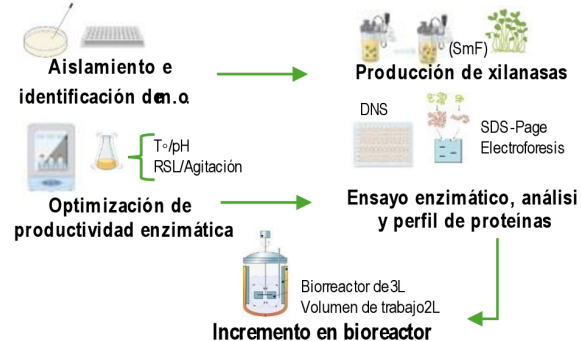


Figura 1. Estrategia experimental.

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.

1. 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.
2. Puchart, V., Suchová K., Biely, P. 2021. Xylanasases of glycosidehydrolase family 30- An overview. *Biotechnol. Adv.*, 47, 107704.
3. Sakhuja D., Ghai H., Ranju K.R. 2021. Cost-effective production of biocatalyst using inexpensive plant biomass. *Science and Technology. Biotech* 11:280.

EFFECTO DE PROBIOTICOS 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* VCBIPN 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 tripticasa 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 estría cruzada y se obtuvieron los stocks los que se conservaron en 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 positivos, 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, estreptomina y trimetoprima/sulfametoxazol.

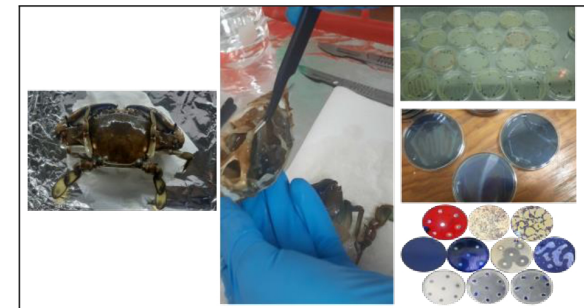


Figura 1. Proceso de aislamiento, purificación, y caracterización de bacterias presuntivas probióticas bacilos y BAL.

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.

1. 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).
2. 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*

mreyesl@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 microsatélites, 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.

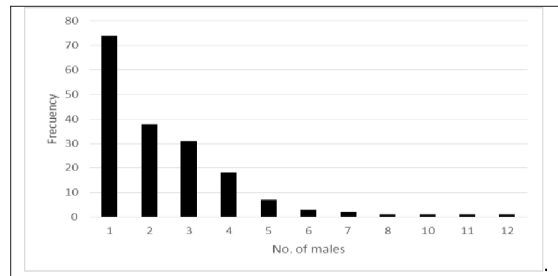


Figura 1. Número de machos por grupo de cópula observados en 178 interacciones reproductivas observadas en tortuga negra.

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.

1. 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).
2. Martin P. & P. Bateson. 1993. "Measuring Behaviour. An introductory guide" (Segunda edición). Cambridge University Press.

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

María 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).

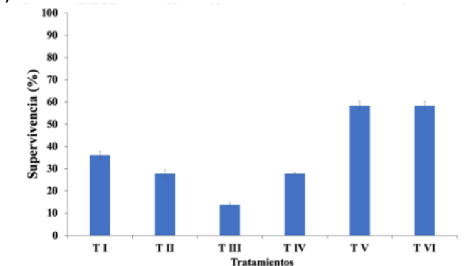


Figura 1. Supervivencia de *P. vannamei* cultivado en el laboratorio. Tratamientos: T I) Alimento Comercial (AC); T II) AC + BALVHP2 (3×10^6 UFC/L); T III) AC + BALCS28 (3×10^6 UFC/L); T IV) AC + BALCS29 (3×10^6 UFC/L); T V) AC + BALCS33 (3×10^6 UFC/L); T VI) AC + Mezcla de BALCS28 + BALCS29 (3×10^6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

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 harvey* 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 salinidad 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., Tórrez, R., Hermann, E., & López, K. (2008). Elaboración y Caracterización de microcápsulas gastro resistentes de Diclofenac obtenidas por Gelificación Iónica. Universitat. 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 FISIOLÓGIA 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 Inmunotinción 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

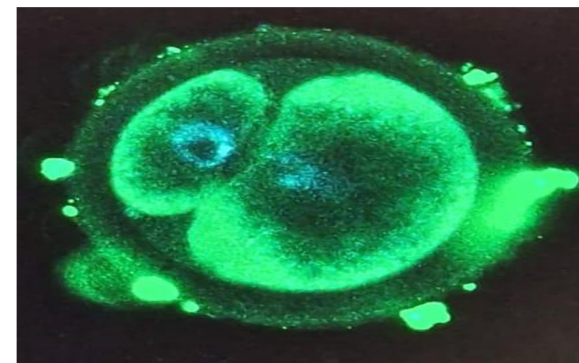


Figura 1. Embrión bovino en etapa de 2 células.

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.

- Canovas S, Cibelli SB, & Ross P.J. 2012. Jumonji domain-containing protein 3 regulates histone 3 lysine 27 methylation during bovine preimplantation development. Proc. Natl. Acad. Sci., 109(7), 2400-2405.
- 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.
- 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 BIOSENSORES 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 espectroscopia micro IR, microscopia óptica y microscopia 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 microscopia óptica, microscopia electrónica y micro espectroscopia IR en el modo MIR-ATR, finalmente se realizarán los análisis quimiométricos correspondientes.

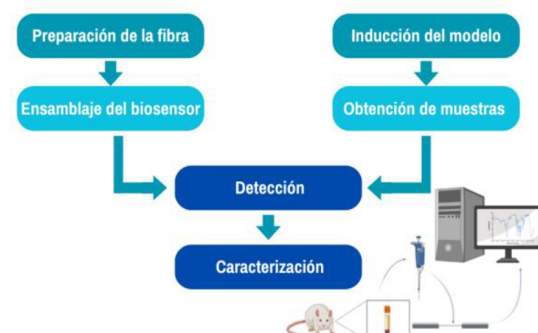


Figura 1. Representación esquemática de la metodología para el ensamblaje de biosensores y detección de TNF α e IL-10.

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 collagenasa, 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™ Pre-designed 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.

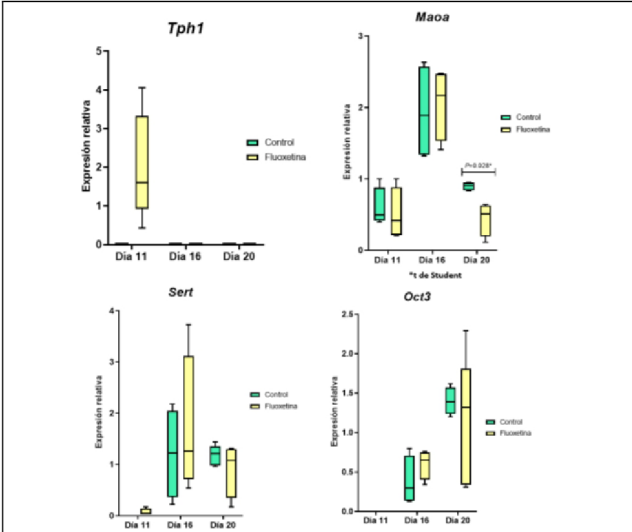


Figura 1. Expresión relativa de los genes *Tph1*, *Maoa*, *Sert* y *Oct3* a nivel placentario.

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-fetal 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

ENMH

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

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%).

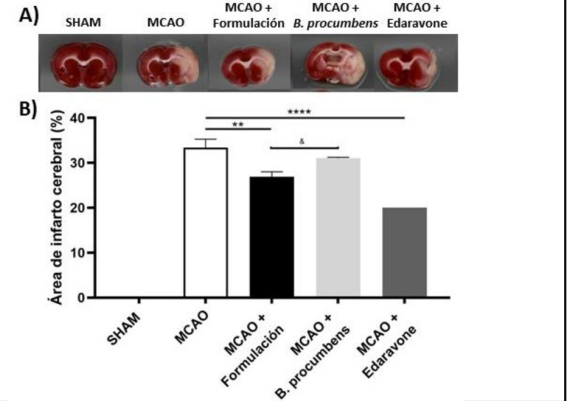


Figura 1. A) Cortes cerebrales coronales teñidos con cloruro de tetrazolio de los diferentes grupos experimentales. B) Gráfica del porcentaje de infarto cerebral al día 6 en los distintos grupos experimentales. ** $p<0.005$, **** $p<0.0001$ vs MCAO; y $^{\circ}$ $p<0.05$ vs MCAO + *B. procumbens*.

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 BIOSENSORES ÓPTICOS PARA LA DETECCIÓN DE *Escherichia coli* UROPATOGENICA 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. CIBA-Tlaxcala

Palabras clave: Biosensor, AuNPs, UPEC

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.

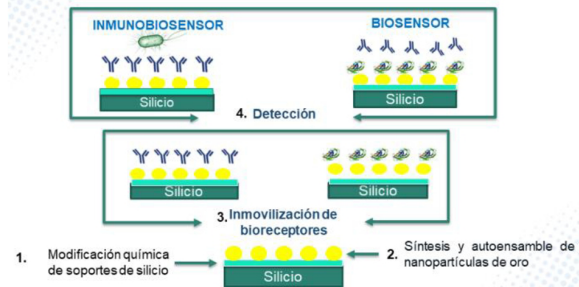


Figura 1. Estrategia metodológica.

Resultados y discusión. El análisis de la composición química y estructural de los soportes de silicio por FTIR mostro 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 mostro 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 mostro 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 dos 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 mostro 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-Monrreal 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 Xitlali 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 CH_4 y el N_2O 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 contine 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.

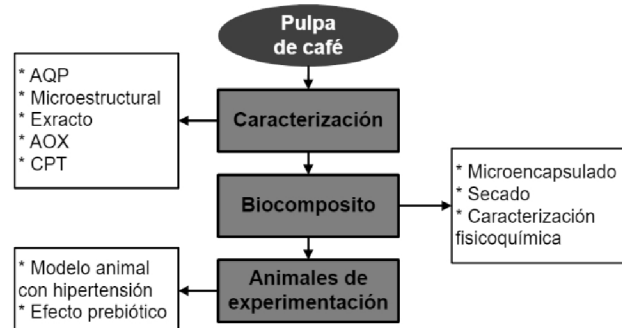


Figura 1. Descripción general de la metodología. Creación propia.

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 (cuadro1), 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 $693.18\text{ mg GAE/g DW}$ (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 microscopia 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.

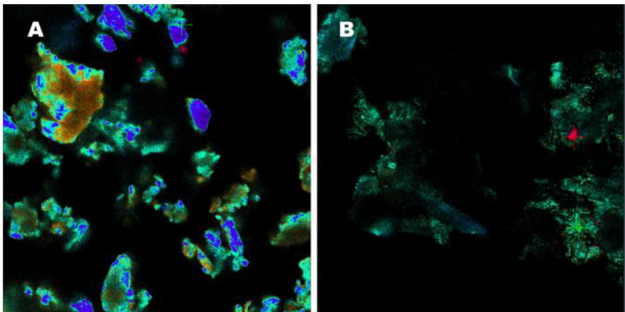


Figura 1. Microscopia confocal de pulpa de café. A) Imagen PC seca; B) Imagen PC extracto en sonicación.

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., Vázquez-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 aminoácido 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.

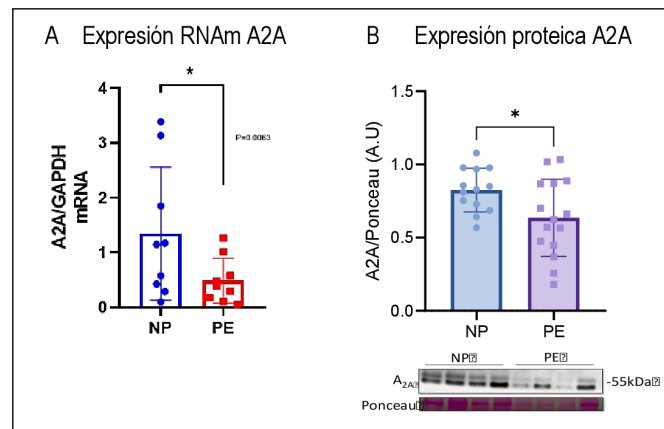


Figura 1. FIGURA 1 | Gen A2A y abundancia de proteínas en placentas humanas de embarazos sanos y preeclampsia. (A) Análisis por PCR en tiempo real de la expresión de A2A en placentas normales y preeclámpicas. Los niveles de expresión génica se normalizaron con GAPDH. Muestras: normal (n = 13), preeclampsia (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 gperez@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 esta 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.

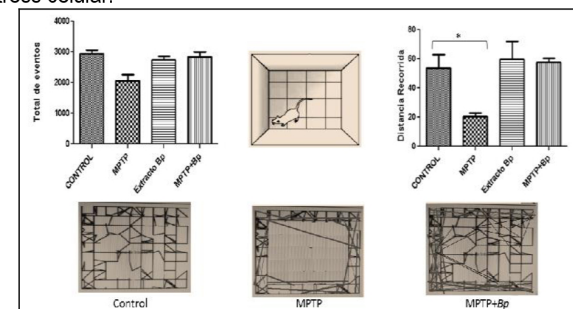


Figura 1. Evaluación motora de los animales sometidos a los distintos tratamientos en el sistema de campo abierto

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.

1. Chuanfeng L, Tie H, Zhen Y, Yu Z, Lu W, Man D, Jing Z, Jiaye M, Yixiao M. (2011) Effecto 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 Macías*, 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.

ABCC1 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)	
CT	7 (53.8)	15 (48.4)	
TT		2 (6.4)	

CEP72 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)	
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.

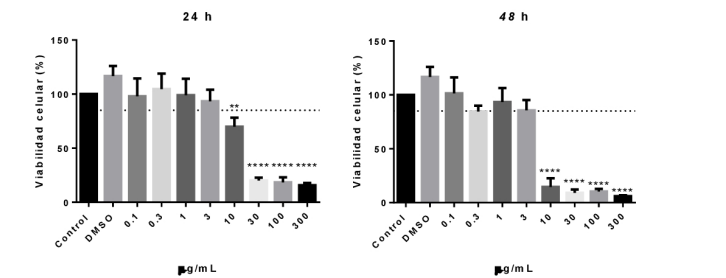


Figura. 1. Efecto citotóxico del extracto de *L. johnstoni* sobre la línea celular 3T3-L1. Los resultados se expresaron como media ± desviación estándar (DE) de tres experimentos independientes realizados por triplicado. El análisis estadístico se realizó mediante ANOVA unidireccional con la prueba post 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 Rios 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 ansiolíticos 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 ansiolítica; 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 ansiolítico como *Clinopodium mexicanum* planta silvestre que posee metabolitos secundarios con actividad ansiolítica; 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 ansiolítica y antidepresiva 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 ansiolítica 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 elágico

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 elágico, 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 elágico a partir de cultivo de tejidos de eucalipto y evaluar el efecto de la obesidad en la biodisponibilidad, biodistribución del ácido elágico 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 elágico 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 elágico.

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 elágico 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 elágico 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. Martinez, 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. Evtugin, D. D., Magina, S., & Evtugin, D. V. (2020). Recent Advances in the Production and Applications of Ellagic Acid and Its Derivatives. A Review. *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

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 prometedores (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 prometedores 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.

1. Bromberg, J., & Wang, T. C. (2009). Inflammation and cancer: IL-6 and STAT3 complete the link. *Cancer cell*, 15(2), 79-80.
2. 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.
3. 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 hardware 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.

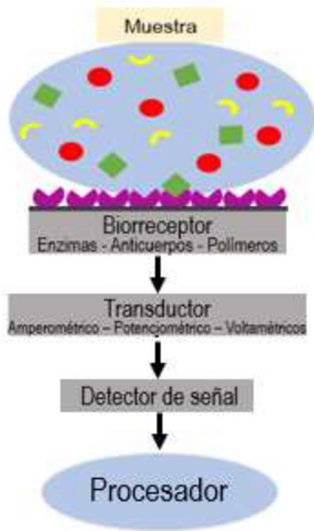


Figura 1. Partes del sensor

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 Marin De la Hoya, María Berenice González*, Martha Angelica Quintanar Escorza, Dealmy, Carlos Galaviz Hernández, Isaías Cháirez 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

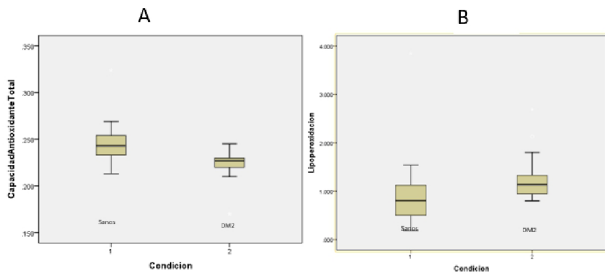


Figura 1. Estado oxidativo. (A) Comparación de Capacidad antioxidante Total en sujetos sanos y sujetos con Diabetes tipo 2. (B) Comparación de daño oxidativo mediante lipoperoxidación en sujetos sanos y sujetos con Diabetes tipo 2. *U Mann-Withney. statistical significance $p=0.05$

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, Ogurstova 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 TiO_2 , para detectar proteína de capa bacteriana. Mathew y Alolijja (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.

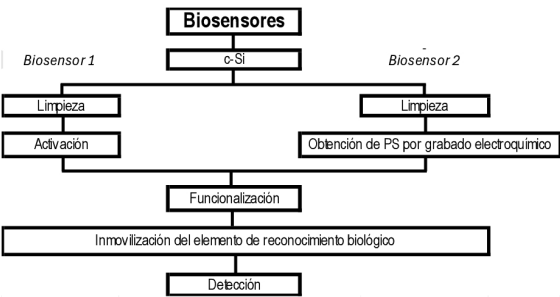


Figura 1. Diagrama general del proceso de desarrollo de los biosensores.

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 TiO_2 -coated porous silicon-based microfluidic biosensor. *Sens Actuators, B.* 321: 1-7
- Mathew, F., & Alolijja, E. 2005. Porous silicon-based biosensor for pathogen detection. *Biosens Bioelectron.* 20(8): 1656-1661

BIOSÍNTESIS DE NANOPARTICULAS 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 discos difusivos, turbidimetría y MIC.

Resultados y discusión. Se elaboraron extractos a 10°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.

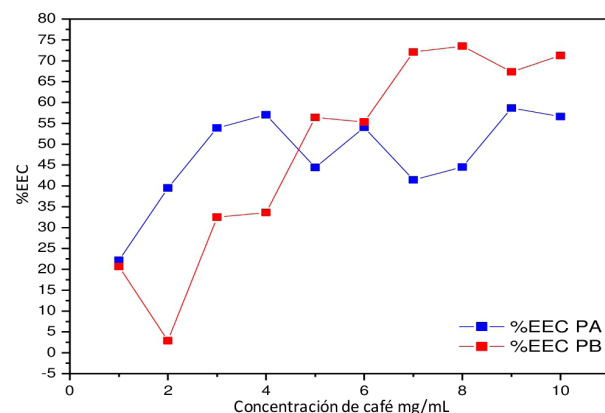


Figura 1. Gráfica del %EEC de PA (peso medio) y PB (peso bajo).

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 CONAHCYT 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 Garcia, Aarón Dominguez López, María Eugenia Jaramillo Flores*, Jorge Cornejo Garrido*.

* jcornejog@ipn.mx
ENMH

Palabras clave: EHNGA, UPR, CYP450, miRNAs

Introducción. La enfermedad de hígado graso no alcohólico (EHNGA) 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 EHNGA (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.maintner.org) para encontrar microRNAs asociados a la EHNGA, la vía UPR y CYP450. Se utilizó mimet 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 EHNGA

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.

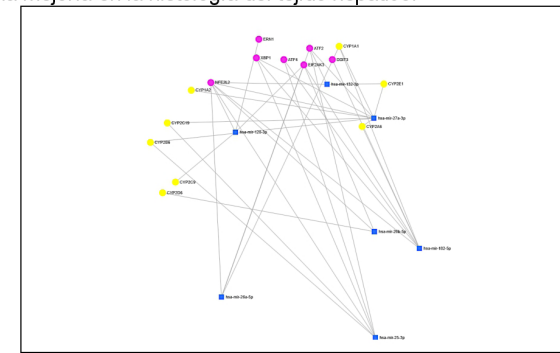


Figura 1. Diagrama de interacción de miARN y su regulación de genes blanco, generado mediante la plataforma online miRNet. En rosa se observan genes relacionados con la vía UPR, en amarillo los genes de citocromos y en azul los microRNAs.

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 EHNGA (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 EHNGA, 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.

- 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.
- Lebeaupin, 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
- 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 SESQUITERPENOS 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 Ishiwar, 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 IC₅₀ teórica en las células de cáncer de mama MCF-7 y MDA-MB-231 es de 3.278 µM y 3.542 µM, 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.

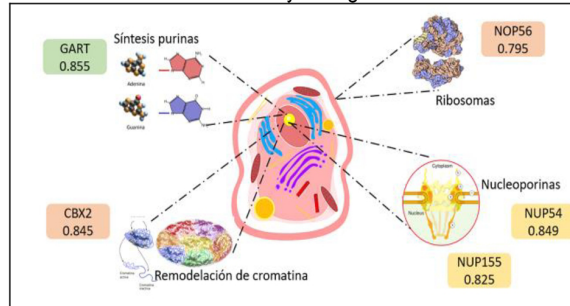


Figura 1. Predicción de mecanismos moleculares alterados tras la exposición teórica del MS3.

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 al cual 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

Palabras clave: Oncocercosis, vigilancia, pos-verificación, filarias, control, epidemiología.

CBG Reynosa

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 periodo 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.

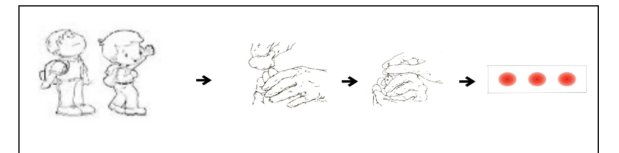


Figura 1. Uso de papel filtro TropMed (OMS) para tomas de muestra de sangre seca en menores de 15 años .

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).

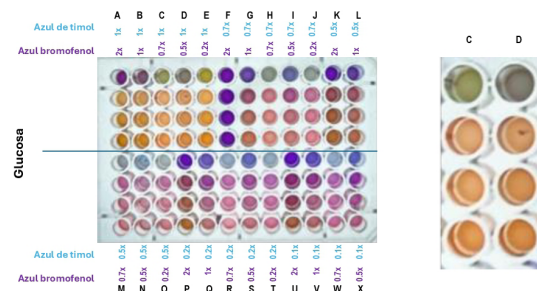


Figura 1. Estandarización de tinta biosensor de glucosa en solución con distintas concentraciones de azul timol y azul bromofenol.

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.

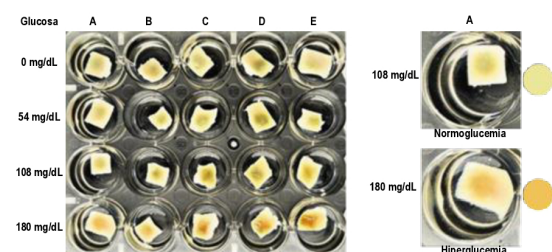


Figura 2. Evaluación de tatuabilidad de la tinta biosensor de glucosa.

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 Macias, 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.