

# SIMPOSIO DE VERANO IBT 2022

Del 22 al 25 de agosto  
De 16:00 a 19:15 horas



Disponible en el canal: Youtube IBt Webcast

# SIMPOSIO DE VERANO 2022

## Del 22 al 25 de agosto

	Lunes 22 Moderador: Dr. Enrique Rudiño		Martes 23 Moderadora: Dra. Gloria Saab	Miércoles 24 Moderador: Dr. Agustín López	Jueves 25 Moderadora: Patricia León
15:50-16:00	<b>Bienvenida</b> <b>Dra. Laura Palomares</b> Directora				
16:00-16:30	<b>Dr. Edgar Neri</b> "Caracterización del veneno de las enigmáticas víboras de cascabeles de cola larga"	16:00-16:30	<b>Dra. Karla Meza</b> "Efecto de la activación inmune materna en el comportamiento de su progenie"	<b>Dr. Julio Chávez</b> "Estudio de la capacitación espermática del murciélago <i>Corynorhinus mexicanus</i> "	<b>Dra. Martha Vázquez</b> "TnaA modula la señalización de Notch en regiones regulatorias de wingless en el disco de ala de <i>Drosophila</i> "
16:30-17:00	<b>Dr. Paul Rosas</b> "Caracterización de ERV4, un gen necesario para la correcta estructuración de la vacuola en levaduras"	16:30-17:00	<b>Dr. Arturo Guevara</b> "La capacidad de promoción del crecimiento de <i>Bacillus velezensis</i> 83 sobre <i>Arabidopsis thaliana</i> L., depende de la señalización de citocininas"	<b>Dr. Sabino Pacheco</b> "Rearreglos estructurales en las toxinas cry para la formación de poro"	<b>Dr. Víctor Bustamante</b> "Mecanismos de virulencia de <i>Salmonella</i> , resistencia a antibióticos e identificación de compuestos antibacterianos"
17:00-17:30	<b>Dr. Ignacio López</b> "El atp externo induce la alcalinización del ph acrosomal en el espermatozoide humano"	17:00-17:30	<b>Dra. Ma. Del Carmen Beltrán</b> "La hiperglucemia impacta a los espermatozoides de rata"	<b>Dr. Svetlana Shishkova</b> "Avances en el estudio del crecimiento determinado de la raíz y la selección de una(s) especie(s) modelo de cactáceas"	<b>Dra. Janet Palacios</b> "Análisis filogenético y transcripcional de los mecanismos moleculares de respuesta y percepción del oxígeno en animales y plantas"
17:30-18:00	<b>Dra. Constance Auvynet</b> "Los péptidos como moléculas candidatas en el tratamiento de enfermedades inflamatorias"	17:30-17:45	Receso	Receso	Receso
18:00-18:15	Receso	17:45-18:15	<b>Dra. Melissa Benard-Valle</b> "Descubriendo anticuerpos ( <i>nanobodies</i> ) para la neutralización de toxinas de corallillos utilizando tecnología de despliegue en fagos"	<b>Dr. David Valle-García</b> "Tejiendo hipótesis: el análisis de regulación diferencial como una herramienta para estudiar fenómenos complejos"	<b>Dra. Katy Juárez</b> "Biopelícula conductiva de <i>Geobacter sulfurreducens</i> , implicaciones en la producción de bioelectricidad"
18:15-19:15	<b>Dr. Miguel Alcubierre Moya</b> Físico Teórico Instituto de Ciencias Nucleares, UNAM "Ondas gravitacionales"	18:15-18:45	<b>Dr. Gabriel Corkidi</b> "Ilusiones ópticas: descifrando el sentido del giro de la cabeza del espermatozoide humano"	<b>Dra. Erika Cecilia Garay Garduño</b> "Las vacunas contra la COVID-19 refuerzan la inmunidad de vacunados y recuperados de infecciones del SARS-COV-2"	<b>Premiación Mejores Tesis</b>
		18:45-19:15	<b>Dra. Ana Isabel Chávez</b> "Búsqueda del entendimiento del mecanismo de las poliaminas implicado en el desarrollo y la respuesta a patógenos de <i>arabidopsis</i> "		<b>Clausura</b> <b>Dra. Laura Palomares</b> Directora



Disponible en el canal: Youtube IBt Webcast

Evento de manera presencial en el Auditorio Francisco Bolívar Zapata en el IBT

# **Resúmenes**

**Simposio de Verano 2022**

## CARACTERIZACIÓN DEL VENENO DE LAS ENIGMÁTICAS VÍBORAS DE CASCABELES DE COLA LARGA

**Edgar Neri-Castro<sup>1</sup>, Vanessa Zarzosa<sup>1</sup>, Andrea Colis-Torres<sup>1</sup>, Bryan G. Fry<sup>2</sup>, Alejandro Olvera-Rodríguez<sup>1</sup>, Jason Jones<sup>3</sup>, Jacobo Reyes-Velazquez<sup>3</sup>, Fernando Zamudio<sup>1</sup>, Alejandro Alagón<sup>1</sup>, Bruno Lomonte<sup>4</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Av. Universidad 2001, Cuernavaca 62210, Mexico. <sup>2</sup>Venom Evolution Lab, School of Biological Sciences, The University of Queensland, St. Lucia, QLD 4072, Australia <sup>3</sup>Herp.mx A.C., Villa del Álvarez, Colima, México. <sup>4</sup> Instituto Clodomiro Picado, Facultad de Microbiología, Universidad de Costa Rica, San José 11501, Costa Rica.

Palabras clave: *Venenos de serpiente; Antivenenos, Proteomas*

El grupo más enigmático de las serpientes de cascabel es el de las “serpientes de cola larga”, formado por tres especies: *Crotalus ericsmithi*, *Crotalus lannomi* y *Crotalus stejnegeri*. Estas especies han sido las serpientes de cascabel menos estudiadas en todos los aspectos, y hasta la fecha no se ha realizado ningún estudio sobre la caracterización de sus venenos. Nuestro objetivo principal fue realizar la caracterización proteómica, así como algunas de las actividades bioquímicas y tóxicas de estos venenos, por otro lado, evaluamos la eficacia de los antivenenos mexicanos hacia el veneno de las tres especies.

El proteoma del veneno de *C. ericsmithi* contiene principalmente metaloproteasas (SVMP; 49,3%), fosfolipasas A<sub>2</sub> (PLA<sub>2</sub>; 26,2%), desintegrinas (Dis; 12,6%) y serinoproteasas (SVSP; 6,8%), mientras que el veneno de *C. lannomi* consta principalmente de SVMP (47,1%), PLA<sub>2</sub> (19,3%), Dis (18,9%), SVSP (6%) y L-aminoácidos oxidasa (LAAO; 2,6%). Para estos venenos se registró una alta letalidad en ratones, siendo el más potente el de *C. lannomi* (DL<sub>50</sub> de 0,99 µg/g de peso corporal), seguido de *C. ericsmithi* (1.3 µg/g) y, por último, *C. stejnegeri* (1.8 µg/g). Los antivenenos Antivipmyn® de SILANES y Faboterápico polivalente antiviperino® de BIRMEX neutralizaron la actividad letal de los tres venenos. Aunque este grupo de serpientes está relacionado filogenéticamente con el grupo *C. viridis*, no se encontraron en sus venenos componentes neurotóxicos (crotoxina o proteínas similares a la crotoxina). Este estudio amplía los conocimientos actuales sobre los venenos de especies de serpientes poco estudiadas de la herpetofauna mexicana.

Agradecimientos: FORDECYT, venenos y antivenenos # 303045 y DGAPA-PAPIIT # IN- 211621

## CARACTERIZACION DE ERV14, UN GEN NECESARIO PARA LA CORRECTA ESTRUCTURACION DE LA VACUOLA EN LEVADURAS.

Jorge Luis Ruiz Salas<sup>1</sup>, Nayeli Roldan Ramírez<sup>1</sup>, Soledad Huerta Quintero<sup>1</sup>, Elizabeth Córdoba Martínez<sup>1</sup>, Prisciluis Caheri Salas Navarrete<sup>1</sup>, Karla Macedo Osorio<sup>1</sup>, Omar Pantoja Ayala<sup>1</sup> y Paul Rosas Santiago\*

<sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Av. Universidad 2001, Cuernavaca, Morelos, 62210, México

\*Autor para correspondencia, paul.rosas@ibt.unam.mx

Palabras clave: *ERV14*, *vacuola*, *Saccharomyces cerevisiae*.

La vacuola es un organelo subcelular necesario para el reciclamiento de macromoléculas y de almacenamiento en la célula eucariota. El gen de ERV14 codifica para una proteína cuya función conocida hasta ahora es la de selección y reclutamiento de proteínas cargo dentro de las vesículas tipo COPII las cuales transitan desde el retículo endoplásmico hasta el aparato de Golgi. A esta ruta que se le conoce como anterógrada. Varias proteínas hasta ahora han sido identificadas como cargos de Erv14 sin embargo ninguna se ha relacionado con el desarrollo y la correcta función de la vacuola. En el presente trabajo presentamos la caracterización de la mutante de levadura *Saccharomyces cerevisiae* en el gen ERV14 (*erv14Δ*) y su afectación en la estructuración de la vacuola lo cual le confiere poca resistencia a la supervivencia en condiciones de escasas de alimento. Análisis de la ultraestructura de la vacuola nos permitieron visualizar que este organelo esta fragmentado en la cepa *erv14Δ* y como consecuencia la vacuola disminuye su acidificación. A través de mediciones indirectas de la actividad de la bomba de la V-ATPasa se determino que la cepa *erv14Δ* tiene mayor actividad de la V-ATPasa debido quizás a que la subunidad A periférica (V<sub>i</sub>) conocida como Vma1 se incrementa en su abundancia. Además, los resultados de ensayos de inmunoprecipitación nos revelaron que un cargo de Erv14 es la subunidad a del dominio V<sub>o</sub> denominada Vph1. Esta proteína participa en la acidificación de la vacuola y su mutación confiere sensibilidad a las levaduras que se crecen en medios con pH mayores a 7.0 y a altas concentraciones a metales pesados como el Zinc debido a la incapacidad de energizar el tonoplasto y así almacenarlos en el lumen vacuolar. La cepa *erv14Δ* resulto sensible a estas dos condiciones lo que da soporte a que Vph1 es un cargo de Erv14. Finalmente, un análisis de microarreglos mostro que son varios los genes que incrementan o disminuyen su expresión en la cepa *erv14Δ*, entre estos genes se encontraron algunos asociados a la biogénesis de la vacuola y otros relacionados con la autofagia. Análisis de fenotipos de la cepa *erv14Δ* mostraron que la ausencia de Erv14 confiere sensibilidad a la temperatura y a la rapamicina así como una disminución en la autofagia. Todos estos resultados muestran que Erv14 es una proteína necesaria para la correcta estructuración de la vacuola.

**Agradecimiento.** Este trabajo se realizó gracias al donativo otorgado por UNAM-PAPIIT IA205822.

## EL ATP EXTERNO INDUCE LA ALCALINIZACIÓN DEL pH ACROSOMAL EN EL ESPEMATOZOIDE HUMANO

Ignacio López González<sup>1\*</sup>, Brian Alvarado Quevedo<sup>1</sup>, Gabriela Carrasquel<sup>1</sup>, José Luis De la Vega Beltrán<sup>1</sup> y Alberto Darszon<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Genética del Desarrollo y Fisiología Molecular, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca Morelos 62210, México.

\*Autor para correspondencia, email: ignacio.lopez@ibt.unam.mx; adarszon@ibt.unam.mx

*Espermatozoide humano, Receptores purinérgicos P2X, pH y reacción acrosomales*

Por antecedentes sabemos que, en otros tipos celulares, la alcalinización de las pozas ácidas de  $\text{Ca}^{2+}$  induce su liberación de estos almacenes intracelulares. Nuestros resultados demostraron que el ATP induce el aumento del volumen de la cabeza del espermatozoide capacitado, como consecuencia del hinchamiento del acrosoma. Más aún, sabemos que la adición de bases débiles al medio extracelular produce la alcalinización del acrosoma y la liberación del  $\text{Ca}^{2+}$  acrosomal. Por lo cual, en este trabajo exploramos si el ATP externo era capaz de alcalinizar al pH acrosomal ( $\text{pH}_{\text{acro}}$ ) y liberar al  $\text{Ca}^{2+}$  contenido en este organelo y causar la reacción acrosomal (RA). Efectivamente, la adición de ATP alcalinizó al  $\text{pH}_{\text{acro}}$ . La cinética de la alcalinización del  $\text{pH}_{\text{acro}}$  inducida por ATP fue más lenta en presencia de  $\text{Cu}^{2+}$ , un inhibidor de los receptores purinérgicos P2X4 (P2X4Rs), lo cual sugiere su participación en este proceso. La adición de ATP produjo un aumento en el  $\text{Na}^+$  intracelular resistente a HC, un inhibidor específico del canal CatSper, descartando la participación de CatSper en este proceso. De manera consistente, la entrada de  $\text{Na}^+$  a través de los P2X4Rs indujo una depolarización del potencial de membrana del espermatozoide, la cual también fue parcialmente sensible a  $\text{Cu}^{2+}$  externo. Con la finalidad de evaluar el efecto del ATP en el pH citoplasmático ( $\text{pH}_{\text{cit}}$ ), cargamos a los espermatozoides capacitados con BCECF-AM. Nuestros resultados indican que la adición de ATP también alcaliniza el  $\text{pH}_{\text{cit}}$ , lo cual sugiere que en respuesta al ATP también se activa el canal de protones HV1 el cual contiene con la liberación de protones del acrosoma y/o contribuye a la liberación de estos del acrosoma. Con la finalidad de evaluar la posible participación del canal HV1 en la alcalinización del  $\text{pH}_{\text{acro}}$  en respuesta al ATP, registramos el cambio del  $\text{pH}_{\text{acro}}$  en presencia de  $\text{Zn}^{2+}$ , un inhibidor inespecífico del canal HV1. La coadición de ATP y  $\text{Zn}^{2+}$  inhibió parcialmente y enlenteció la cinética de la alcalinización del  $\text{pH}_{\text{acro}}$ , sugiriendo la participación indirecta de este canal en este proceso. La adición de Cl-GBI, un inhibidor específico para el canal HV1, también redujo parcialmente la alcalinización del  $\text{pH}_{\text{acro}}$ , confirmando su participación en el cambio del  $\text{pH}_{\text{acro}}$  inducido por ATP. Por último, con la finalidad de evaluar si la adición de ATP podía inducir la liberación de  $\text{Ca}^{2+}$  y  $\text{Zn}^{2+}$  almacenados en el acrosoma cargamos a los espermatozoides con Fluo-5N, un fluoróforo de baja afinidad para  $\text{Ca}^{2+}$ , y con Spirozin, un fluoróforo de  $\text{Zn}^{2+}$  que se acumula en vesículas ácidas como el acrosoma. La adición de ATP externo ocasionó que tanto el  $\text{Ca}^{2+}$  como el  $\text{Zn}^{2+}$  almacenado en el acrosoma disminuyeran, debido a la liberación de ambos iones del acrosoma.

Considerando los resultados descritos previamente, proponemos que la adición de ATP activa a los P2X4Rs, aumentando la concentración de  $\text{Na}^+$  intracelular, la fuga de protones a través de los intercambiadores  $\text{Na}^+/\text{H}^+$  del acrosoma contribuyendo a su alcalinización. De manera paralela, la depolarización del potencial de membrana inducida por el ATP activaría a una fracción de los canales HV1 presentes en el espermatozoide y favorecería la salida de  $\text{H}^+$  del citoplasma, potenciando la alcalinización del  $\text{pH}_{\text{acro}}$ , el aumento del volumen del acrosoma, la liberación del  $\text{Ca}^{2+}$  y del  $\text{Zn}^{2+}$  acrosomales, y, finalmente la RA.

**Agradecimiento.** Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT). Número de donativos: 71 para AD; 319694 para ILG. Dirección General de Asuntos del Personal Académico/ Universidad Nacional Autónoma de México (DGAPA/ UNAM). Número de donativos: IN200919 para AD; IN205518 e IN208321 para ILG.

## LOS PÉPTIDOS COMO MOLÉCULAS CANDIDATAS EN EL TRATAMIENTO DE ENFERMEDADES INFLAMATORIAS

*Veronica Martinez-Osorio<sup>1,2</sup>, Lorena Elizabeth Fajardo Brigido<sup>1,2</sup>, Estefania Aleman-Navaro<sup>1,2</sup>, Thierry Drujon<sup>3</sup>, Emmanuelle Sachon<sup>3,4</sup>, Erika Melchy-Pérez<sup>1</sup>, Ludovic Carlier<sup>3,4</sup>, Yannick Fleury<sup>5</sup>, Christophe Piesse<sup>6</sup>, Angel Flores<sup>1</sup>, Alejandro De las Peñas<sup>7</sup>, Irene Castaño<sup>7</sup>, Florie Desriac<sup>5</sup>, Jose-Luis Beristain-Hernandez<sup>8</sup>, Sandra Rodriguez<sup>9</sup>, Christophe Combadiere<sup>10</sup>, Claire Lacombe<sup>3</sup>, Yvonne Rosenstein<sup>\*</sup>, Constance Auvynet<sup>\*</sup>*  
*[\\*constance.auvynet@ibt.unam.mx](mailto:*constance.auvynet@ibt.unam.mx); yvonne.rosenstein@ibt.unam.mx*

<sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, México

<sup>2</sup>Posgrado de Ciencias Bioquímicas, Universidad Nacional Autónoma de México, México

<sup>3</sup>Laboratoire des biomolécules, LBM, Sorbonne Université, École normale supérieure, PSL University, CNRS, France.

<sup>4</sup>Plate-forme MS<sup>3</sup>U Mass Spectrometry Sciences Sorbonne University, UFR926-UFR927, Sorbonne Université, France.

<sup>5</sup>LUBEM EA 3882, IUT Quimper, Université de Bretagne Occidentale, France.

<sup>6</sup>Plate-forme de Synthèse Peptidique, Institut de Biologie Paris-Seine (ISBS), Sorbonne Université, CNRS, France.

<sup>7</sup>IPICYT, División de Biología Molecular, Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica, San Luis Potosí, México.

<sup>8</sup>Hepatobiliary and Pancreatic Surgery Clinic. General Surgery Department “La Raza” National Medical Center. Instituto Mexicano del Seguro Social, México.

<sup>9</sup>Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, México.

<sup>10</sup>Centre d'Immunologie et des Maladies Infectieuses, CIMI-Paris, Sorbonne Université, Inserm, France.

La inflamación es la respuesta del cuerpo al daño celular o tisular causado por agentes externos (biológicos, físicos o químicos) o bien por señales internas de alarma generadas por un trauma o una función celular deficiente. La inflamación controlada es necesaria, reparadora y no induce cambios asociados a la enfermedad; la inflamación crónica desregulada resulta en una respuesta inmunológica inadecuada, destrucción tisular, fibrosis y pérdida de la función de un órgano. Aunque esencial en la respuesta inmune temprana, el reclutamiento excesivo y/o prolongado de leucocitos al sitio dañado, favorece el desarrollo de las patologías inflamatorias. Luchar contra las enfermedades crónicas-inflamatorias es una prioridad estratégica nacional y de la OMS (Organización Mundial de la Salud). Aunque los mecanismos moleculares que ponen en marcha cada una de las patologías inflamatorias difieren, el denominador común es la participación de células inflamatorias (neutrófilos, monocitos, células dendríticas o linfocitos) así como el proceso de angiogénesis. Actualmente, la mayoría de los tratamientos disponibles que modulan la inflamación son medicamentos esteroideos que se usan de manera sistémica, sin tratar de forma específica al órgano o al sistema afectado, lo que ocasiona múltiples efectos secundarios y disminuye la capacidad del sistema inmune para combatir infecciones.

Nuestra hipótesis de trabajo es que el uso de péptidos antiinflamatorios con capacidad antimicrobiana permitirá controlar la amplitud, duración y tipo de inflamación, al modular las poblaciones de células inflamatorias así como el crecimiento de vasos sanguíneos en el sitio dañado, favoreciendo una reparación tisular adecuada, sin afectar de manera global al sistema inmune y sin comprometer la capacidad de combatir las infecciones.

Presentaremos un nuevo péptido, aislado de la piel de la rana mexicana, *Pachymedusa dactylosa*, con propiedades antibacteriana, inmunosupresora y anti-angiogénica. Proponemos su uso potencial en el desarrollo

de tratamientos en padecimientos inflamatorios asociados con un proceso angiogénico importante, como la psoriasis, sin el riesgo de volver al organismo más vulnerable a las infecciones oportunistas.

**Financiamiento:** Este trabajo ha sido financiado por los donativos UNAM-PAPIIT AI203020 y IA205922; CONACYT-Fronteras de la Ciencia 2015-02-853 y SATT-Lutech.

## EFFECTO DE LA ACTIVACIÓN INMUNE MATERNA EN EL COMPORTAMIENTO DE SU PROGENIE

**Karla F. Meza-Sosa<sup>1</sup>, Uriel Pineda-Solís<sup>1</sup>, Gustavo Pedraza-Alva<sup>1</sup> y Leonor Pérez-Martínez\***

<sup>1</sup>Laboratorio de Neuroinmunobiología, Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos. Instituto de Biotecnología, UNAM. Cuernavaca, Morelos, México.

\*Leonor Pérez-Martínez, [leonor.perez@ibt.unam.mx](mailto:leonor.perez@ibt.unam.mx)

*Palabras clave: inflamación, neurodesarrollo, activación inmune materna, microglía, microRNAs.*

La etapa gestacional representa un periodo crítico en el que alteraciones ambientales pueden tener un efecto profundo y duradero en la progenie. Varios análisis epidemiológicos en poblaciones humanas, así como estudios con modelos murinos han mostrado que la activación inmune materna (MIA, por sus siglas en inglés) durante la etapa gestacional afecta el neurodesarrollo de los fetos. Estos efectos se mantienen durante toda la vida de la progenie y se correlacionan con el desarrollo de patologías como la esquizofrenia, el síndrome de Tourette, el trastorno por déficit de atención e hiperactividad (TDAH) y trastornos del desarrollo relacionados al espectro autista (TEAs). Sin embargo, los mecanismos moleculares involucrados en estas alteraciones no se han estudiado a fondo. A pesar de que se ha determinado que la respuesta inflamatoria de la madre es necesaria para el establecimiento de las alteraciones, se desconocen las poblaciones celulares afectadas en el feto y que podrían ser responsables del desarrollo de las alteraciones observadas en la adultez. En ese sentido, la microglía es un candidato muy atractivo para entender el efecto de la inflamación gestacional en el neurodesarrollo de la progenie. La microglía es la población de células del sistema inmune más abundante en el Sistema Nervioso Central (SNC) y funciona como la primera y principal línea de defensa en respuesta a infecciones o lesiones cerebrales. Además de las capacidades inmunológicas de la microglía, ésta también juega un papel importante en el mantenimiento de la homeostasis cerebral durante el desarrollo y la adultez. Por consiguiente, la microglía constituye un elemento importante en condiciones de salud y de enfermedad. En el presente estudio, analizamos el efecto de la inflamación gestacional tanto aguda como crónica en el comportamiento de la progenie. Para ello, se establecieron dos modelos inflamatorios. Para el modelo agudo, a las ratonas se les administró el análogo de ARN de doble cadena llamado Poly(I:C) para simular una infección viral. En el modelo crónico, las ratonas desarrollaron problemas metabólicos en respuesta a una dieta alta en grasa. En ambos modelos se analizó el comportamiento de la progenie, tanto en machos como en hembras, utilizando pruebas de ansiedad, respuesta al placer y sociabilidad; habilidades que se ven alteradas en diversas enfermedades psiquiátricas que se han relacionado con la MIA en humanos. Interesantemente, la progenie de machos de ratonas expuestas a MIA aguda presentó una respuesta disminuida al placer (anhedonia) al compararse con controles no expuestos a MIA. En contraste, la progenie de ratonas expuestas a MIA crónica no presentó anhedonia, independientemente de su sexo. De manera similar, la progenie de ratonas expuestas a MIA aguda presentó diferencias de sociabilidad tanto en machos como en hembras, mientras que la progenie de MIA crónica no presentó estas alteraciones. De manera interesante, sólo la progenie de machos de las ratonas expuestas a MIA aguda presentó un nivel de ansiedad significativo, el resto de los grupos no presentaron diferencias. Experimentos en curso están encaminados a caracterizar el perfil transcripcional de la microglía de la progenie de ratonas con MIA aguda.

**Agradecimiento.** Este trabajo fue parcialmente financiado por los donativos CONACyT (IFC 2016-2282 y CF-2019 40792) y DGAPA-PAPIIT (IN213119, IN217822, IN211719 e IA202721).

## LA CAPACIDAD DE PROMOCIÓN DEL CRECIMIENTO DE *Bacillus velezensis* 83 SOBRE *Arabidopsis thaliana* L., DEPENDE DE LA SEÑALIZACIÓN DE CITOCININAS.

Salvador Barrera-Ortiz<sup>1a</sup>, Karina Alejandra Balderas-Ruiz<sup>2b</sup>, Jesús Salvador López-Bucio<sup>3</sup>, José López-Bucio<sup>3</sup>, Celia Flores<sup>2b</sup>, Enrique Galindo<sup>2b</sup>, Leobardo Serrano-Carreón<sup>2b</sup>, Ángel Arturo Guevara-García<sup>1a\*</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México; <sup>2</sup>Departamento de Biología Molecular de Plantas; <sup>3</sup>Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis;

<sup>3</sup>CONACYT-<sup>3</sup>Instituto de Investigaciones Químico-Biológicas, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo.

\*[arturo.guevara@ibt.unam.mx](mailto:arturo.guevara@ibt.unam.mx)

*Palabras clave: Arabidopsis thaliana* L., *Bacillus velezensis* 83, señalización por citocininas

Debido a la gran demanda de alimentos por una población creciente, incrementar la producción agrícola es un tema de interés mundial. En este sentido, el uso indiscriminado de fertilizantes y pesticidas químicos, cada vez más contaminantes, pero menos efectivos, ha motivado la búsqueda de alternativas más eficientes y amigables con el ambiente. Tal es el caso de aislados microbianos de entornos naturales que se utilizan como eficientes biofertilizantes o biopesticidas. Dentro de este grupo, aquellas capaces de promover el crecimiento, se denominan colectivamente como bacterias promotoras del crecimiento de las plantas (PGPB, por sus siglas en inglés), las cuales tienen la capacidad de modificar directamente la señalización y/o el metabolismo de las plantas e indirectamente, contrarrestar el crecimiento de fitopatógenos. *Bacillus velezensis* 83, aislado de la filósfera de árboles de mango, es el componente bioactivo de un producto biotecnológico comercializado como Fungifree AB® y ha sido reportado como agente de control biológico (ACB) y PGPB. Se sabe que las PGPB afectan el crecimiento y el metabolismo de las plantas impactando la biosíntesis y/o señalización de diferentes fitohormonas. En este trabajo, utilizando un sistema de interacción de contacto directo entre *Bacillus velezensis* 83 - *Arabidopsis thaliana* L, se observó que la bacteria promueve la división celular, así como la expresión de genes relacionados con la vía de señalización de citocininas (CK) en los meristemas, tanto del brote como de la raíz de la planta. Adicionalmente, se observó que, de manera similar a la inoculación bacteriana, la suplementación exógena de cinetina (una CK), induce la expresión de un gen reportero de respuesta a CK. En contraste, en las mismas condiciones experimentales, la bacteria fue incapaz de promover el crecimiento de mutantes de *A. thaliana* L. afectadas en los receptores de CK. Con base en estas observaciones, se concluye que en la interacción *B. velezensis* 83 - *A. thaliana* L la capacidad de promoción del crecimiento vegetal es dependiente de la señalización de citocininas. Finalmente, utilizando sistemas de co-cultivo que no implican el contacto directo bacteria-planta, se observó que *B. velezensis* 83 promovió el crecimiento vegetal sin necesidad de colonizar los tejidos vegetales, sugiriendo que la bacteria produce compuestos difusibles y/o volátiles que impactan el crecimiento de las plantas

**Agradecimientos:** Investigación apoyada por CONACYT (Becas Postdoctoral 40460 y Doctoral 361862) y por el Programa de Apoyo Académico DGAPA/PAPIIT/UNAM (Proyectos: IN209420 e IG200618).

## LA HIPERGLUCEMIA IMPACTA A LOS ESPERMATOZOIDES DE RATA

Hiram Pacheco<sup>1</sup>, Erika Zagal<sup>2</sup>, Elizabeth Negrete<sup>2</sup>, Juan José Acevedo<sup>2</sup>, Alberto Darszon<sup>1</sup>,  
Takuya Nishigaki<sup>1</sup> y Carmen Beltrán<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Genética del Desarrollo y Fisiología Molecular. Instituto de Biotecnología; Universidad Nacional Autónoma de México. Cuernavaca, Morelos

<sup>2</sup>Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Cuernavaca, Morelos

\*carmen.beltran@ibt.unam.mx

*Palabras clave: Rata hiperglucémica, espermatozoides, V-ATPase.*

El objetivo del espermatozoide es fecundar al óvulo y para esto necesita nadar y "capacitarse" para experimentar la reacción acrosomal (RA), que es un evento único de exocitosis indispensable para poder fusionarse con el óvulo y fecundarlo.

La capacitación del espermatozoide involucra cambios bioquímicos y fisiológicos. En este proceso, se altera la fluidez de la membrana plasmática debido a eflujo de colesterol mediado por albúmina, hay aumentos intracelulares en la concentración de Ca<sup>2+</sup>, en el pH, en los niveles de AMPc, cambios en la fosforilación de proteínas en tirosina mediados por las cinasas PKA y PKC, en la motilidad (de activada a hiperactivada) y el potencial de membrana (Em) se hiperpolariza. Una vez capacitados, los espermatozoides avanzan hacia la RA y están listos para fecundar al óvulo. Alteraciones en la motilidad, la capacitación o en la RA de los espermatozoides, causan infertilidad.

La Diabetes Mellitus (DM), es una enfermedad crónico-degenerativa, que se caracteriza por hiperglucemia. El aumento de la DM en varones en edad reproductiva es una de las principales causas de infertilidad. Sin embargo, se conoce poco acerca de los mecanismos y menos aún de las moléculas involucradas en la infertilidad asociada a la DM.

Utilizando como modelo experimental ratas Wistar macho, en las que se indujo hiperglucemia con aloxano, observamos que disminuye el peso corporal, el de sus testículos y epidídimos, así como el número de espermatozoides. Nuestros resultados en espermatozoides de ratas control muestran que, la capacitación hiperactiva e hiperpolariza las células, y que dichos parámetros se alteran con la hiperglucemia. Además, en los espermatozoides encontramos que la hiperglucemia disminuye la viabilidad, eleva la RA espontánea, hiperpolariza el Em, alcaliniza el pH acrosomal (pHa) e inhibe la participación de la V-ATPasa. Estos resultados nos permitirán avanzar en el entendimiento de los mecanismos involucrados en la infertilidad asociada a la hiperglucemia y a la DM.

### **Agradecimientos**

Este trabajo se desarrolló gracias al apoyo de PAPIIT-UNAM: IN204922 (AD), IN205722 (TN) e IN215519 e IN209922 (CB). HP tiene una beca de doctorado de CONACyT.

## DESCUBRIENDO ANTICUERPOS (*NANOBODIES*) PARA LA NEUTRALIZACIÓN DE TOXINAS DE CORALILLOS UTILIZANDO TECNOLOGÍA DE DESPLIEGUE EN FAGOS.

Melisa Benard-Valle<sup>1,2</sup>, Yessica Wouters<sup>2</sup>, Anne Ljungars<sup>2</sup>, Gibrán Rodríguez-Barrera<sup>1</sup>, Manuel Yañez-Mendoza<sup>1</sup>, Alejandro Alagón<sup>1</sup>, and Andreas H. Laustsen<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, UNAM; <sup>2</sup>Tropical Pharmacology Laboratory, DTU

\*melisa.benard@ibt.unam.mx

*Palabras clave: Antivenenos; coralillos; despliegue en fagos.*

El único tratamiento disponible para el envenenamiento por serpiente de coral, el cual puede causar la muerte por insuficiencia respiratoria, es un antiveneno que consiste en inmunoglobulinas aisladas del plasma de caballos hiperinmunizados. A pesar de que ha demostrado ser eficaz, el tratamiento tiene varios inconvenientes, incluida la eficacia limitada en múltiples especies, su fabricación depende de los venenos y, debido a su naturaleza heteróloga, el tratamiento puede causar reacciones adversas. Este trabajo tiene como objetivo utilizar la tecnología de despliegue en fagos para descubrir y generar anticuerpos en formato de *nanobodies* (V<sub>H</sub>) recombinantes contra las neurotoxinas más potentes presentes en los venenos de serpientes de coral. Con este fin, utilizamos una biblioteca de despliegue en fagos de *nanobodies* de llamas inmunizadas con los venenos de 18 especies de elápidos. Se realizaron tres rondas de selección utilizando tres neurotoxinas de cadena corta recombinantes (scNTx) y dos fosfolipasas A<sub>2</sub> (PLA<sub>2</sub>s) purificadas a partir de veneno de *Micrurus fulvius*.

Descubrimos 14 V<sub>H</sub> únicos que reconocen scNTx recombinantes, tres de los cuales muestran afinidades en el rango bajo de nM y también pueden reconocer neurotoxinas de 2 especies diferentes de serpientes de coral. Los estudios preliminares *in vivo* han demostrado que dos de ellos fueron capaces de neutralizar la letalidad de una scNTx nativa cuando la toxina y el V<sub>H</sub> (proporción molar 1:2.5) se preincubaron durante 30 minutos y se administraron por vía intravenosa a los ratones. Además, identificamos 9 clonas de V<sub>H</sub> que reconocen PLA<sub>2</sub> purificadas y actualmente se están realizando análisis para evaluar su capacidad para neutralizar la actividad enzimática y la letalidad de PLA<sub>2</sub>. Si tienen éxito, estos V<sub>H</sub> serán un primer paso hacia el desarrollo de un antiveneno contra serpiente de coral más seguro, eliminando la necesidad de producción en caballos y el requerimiento de venenos.

**Agradecimiento:** Financiamiento a través de un “Small Grant” de la Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene” y del proyecto CONACyT-FORDECyT 303045 “Venenos y antivenenos”.

# ILUSIONES ÓPTICAS: DESCIFRANDO EL SENTIDO DEL GIRO DE LA CABEZA DEL ESPERMATOZOIDE HUMANO

Gabriel Corkidi<sup>1\*</sup>, Fernando Montoya<sup>1</sup>, Ana Laura González-Cota<sup>1</sup>, Paul Hernández-Herrera<sup>1</sup>, Neil Bruce<sup>2</sup>, Hermes Gadelha<sup>3</sup>, Alberto Darszon<sup>1</sup>

1 Instituto de Biotecnología, UNAM, 2 Instituto de Ciencias Aplicadas y Tecnología, UNAM, 3 Bristol University, UK.

\*Autor para correspondencia: gabriel.corkidi@ibt.unam.mx.

*Palabras clave: Microscopía 4D, Espermatozoide Humano, Análisis de Imágenes*

La movilidad es una propiedad fundamental de muchas células. Algunas de éstas se impulsan gracias a la combinación de los movimientos de rotación tanto de su cabeza como del batido de sus flagelos. El espermatozoide es un ejemplo de lo anterior, lo que le permite nadar y cumplir con su objetivo principal, fecundar al óvulo. La rotación de la cabeza del espermatozoide humano ha sido objeto de estudio desde hace décadas, sin embargo, hemos constatado que su observación está sujeta a ilusiones ópticas inherentes a la óptica que se ha utilizado tradicionalmente; por consecuencia hasta la fecha no hay un consenso en la dirección de giro de esta célula, lo que está directamente relacionado con su anatomía, morfología y fisiología, y por lo tanto con su capacidad de fecundar al óvulo.

Una de las dificultades para detectar la rotación de la cabeza del espermatozoide humano es que un microscopio inherentemente adquiere imágenes en un solo plano focal (2D); esta célula al moverse a grandes velocidades puede generar ilusiones ópticas (su flagelo bate hasta 30 veces por segundo y ese batido genera movimientos en la cabeza que la hacen salir constantemente del plano focal), y por lo tanto una gran confusión debido a la naturaleza simétrica y translúcida de su cabeza. Por estos motivos, para poder determinar con precisión los movimientos del espermatozoide, es necesario adquirir la escena tridimensional completa en lapsos de tiempo suficientes (3D+t, o 4D).

En nuestro grupo hemos desarrollado la tecnología necesaria para poder resolver esta importante pregunta y cuestionar de manera contundente este paradigma. Esta tecnología está basada en principios de microscopía de campo claro, en donde el objetivo del microscopio se hace vibrar a frecuencias de hasta 100 Hz, mientras que una cámara rápida puede capturar hasta 8000 imágenes por segundo en un volumen con altura de hasta 20 micras (50 planos focales separados por 0.4 micras). En este volumen capturado podemos analizar con gran precisión el movimiento de la cabeza y del flagelo en células al nado libre en 4D.

En esta plática presentaremos una estrategia de análisis de imágenes que probamos con más de 300 espermatozoides en diferentes condiciones experimentales. La metodología para poder medir el sentido de la

rotación de la cabeza del espermatozoide está basada en la inversión de contraste que produce la aberración esférica de los objetivos de microscopio en función del plano focal donde se observe. Aplicando este principio es posible detectar de manera diferenciada la ubicación tridimensional de los bordes de la cabeza del espermatozoide humano (la forma de su cabeza semeja un balón de fútbol americano aplastado...). El rastreo de este efecto en lapsos de tiempo suficientes para que la cabeza pueda girar, permite obtener su dirección de giro. Esta certeza en el sentido del giro de la cabeza permitirá establecer por primera vez un nuevo paradigma que sirva de referencia para estudios y modelos sobre la dinámica del nado del espermatozoide, así como las relaciones directas existentes con su fisiología.

Agradecimientos: PAPIIT IN105222.

## EN BÚSQUEDA DEL ENTENDIMIENTO DEL MECANISMO DE LAS POLIAMINAS IMPLICADO EN EL DESARROLLO Y LA RESPUESTA A PATÓGENOS EN ARABIDOPSIS.

**Ana-Isabel Chávez<sup>1</sup>., Diana-Sanchez<sup>2</sup>., Margarita-Rodríguez<sup>3</sup>., Mario-Serrano<sup>4</sup>., Marta-Torres<sup>4</sup>., Juan-Francisco Jiménez<sup>1\*</sup>.**

<sup>1</sup>Instituto Potosino de Investigación científica y tecnologica A.C.; <sup>2</sup>Instituto de ecología A.C.; <sup>3</sup> Universidad Autónoma de San Luis Potosí; <sup>4</sup> Centro de Ciencias Genómicas .

\*Autor para correspondencia, jbremont@ipicyt.edu.mx

*Palabras clave: Poliaminas, especies reactivas de oxígeno, patógenos*

Las poliaminas (PAs) son policationes de bajo peso molecular, ubicuos en todos los organismos y estrechamente ligados a múltiples procesos celulares vitales. Sin embargo, los mecanismos mediante los cuales actúan estos compuestos esenciales no se han dilucidado por completo. En las plantas, las PAs se encuentran orquestando procesos de crecimiento, desarrollo y respuesta a estrés, fluctuando en función de la etapa de desarrollo, así como, los estímulos del medio (Chen et al., 2019., Jiménez et al., 2021). No obstante, pese al gran interés que han generado en la comunidad científica desde ya hace más de 70 años, cuando por primera vez se describió la acumulación de una PA, la diamina putrescina en cebada en respuesta a condiciones de estrés nutricional. La falta de una planta auxótrofa de PAs había representado una gran limitante para su estudio en estos organismos (Urano et al., 2005).

En la búsqueda del entendimiento del papel fisiológico que desempeñan las PAs en el desarrollo y en la respuesta de defensa de las plantas, este trabajo se ha enfocado a la generación y estudio de plantas transgénicas de Arabidopsis que lograran ser viables completando su ciclo biológico conteniendo niveles subóptimos de PAs. En este sentido, se utilizó una estrategia de silenciamiento mediante un microRNA dirigido a los genes de la arginina descarboxilasa (AtADC), enzima responsable de catalizar el primer paso limitante en la vía de biosíntesis de la PAs en Arabidopsis. Las plantas silenciantes conteniendo menos del 20% de PAs respecto a su control silvestre mostraron diferentes defectos en crecimiento y generación de semilla (Sánchez-Rangel et al., 2016).

En un contexto silvestre, las PAs son altamente acumuladas bajo condiciones de estrés. Sin embargo, esta respuesta no puede efectuarse eficientemente en las plantas silenciantes-*adc*, haciéndolas susceptibles a perecer bajo condiciones de estrés por frio y salinidad. A su vez, la interacción con un agente estresor desencadena el incremento en la producción de especies reactivas de oxígeno (EROs), que dependiendo de la permanencia y el lugar donde se producen pueden generar daños en las proteínas y ácidos nucleicos. En el caso de las plantas silenciantes-*adc*, bajo condiciones normales de crecimiento hay un aumento significativo en la tasa de producción y acumulación de EROs, como resultado del aumento en la actividad de la NADPH oxidasa, así como la disminución de la actividad de la enzima antioxidante catalasa (Chavez-Martinez et al., 2018). Posteriormente, dada la evidencia que relaciona a las EROs con la respuesta de defensa de las plantas, se procedió a realizar la caracterización de la respuesta de las plantas silenciantes-*adc* al ataque de los microorganismos fitopatógenos de hábitos diferenciales *Botrytis cinerea* y *Pseudomonas syringae*. Los resultados de ambas interacciones mostraron que la baja disponibilidad de PAs en las plantas silenciantes-*adc* desregula la respuesta de defensa mediada por el ácido salicílico y el ácido jasmónico en Arabidopsis (Chavez-Martinez et al., 2020).

### **Agradecimiento.**

Durante la realización del trabajo la autora recibió una beca académica del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología con número de registro 298530 y del Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica, A. C.

### **Bibliografía.**

1. Chen, D., Shao, Q., Yin, L., Younis, A., & Zheng, B. (2019). Polyamine function in plants: metabolism, regulation on development, and roles in abiotic stress responses. *Frontiers in plant science*, 9, 1945.
2. Chávez-Martínez, A. I., Ortega-Amaro, M. A., Torres, M., Serrano, M., & Jiménez-Bremont, J. F. (2020). Arabidopsis adc-silenced line exhibits differential defense responses to *Botrytis cinerea* and *Pseudomonas syringae* infection. *Plant Physiology and Biochemistry*, 156, 494-503.
3. Isabel, C. M. A., Ignacio, J. R. F., Margarita, R. K., Gill, S. S., Alicia, B. F., & Francisco, J. B. J. (2018). Down-regulation of arginine decarboxylase gene-expression results in reactive oxygen species accumulation in Arabidopsis. *Biochemical and biophysical research communications*, 506(4), 1071-1077.
4. Jiménez-Bremont, J. F., Chávez-Martínez, A. I., Ortega-Amaro, M. A., Guerrero-González, M. L., Jasso-Robles, F. I., Maruri-Lopez, I., ... & Rodríguez-Kessler, M. (2021). Translational and post-translational regulation of polyamine metabolic enzymes in plants. *Journal of Biotechnology*.
5. Sánchez-Rangel, D., Chávez-Martínez, A. I., Rodríguez-Hernández, A. A., Maruri-López, I., Urano, K., Shinozaki, K., & Jiménez-Bremont, J. F. (2016). Simultaneous silencing of two arginine decarboxylase genes alters development in Arabidopsis. *Frontiers in plant science*, 7, 300.
6. Urano, K., Hobo, T., & Shinozaki, K. (2005). Arabidopsis ADC genes involved in polyamine biosynthesis are essential for seed development. *FEBS letters*, 579(6), 1557-1564.

## ESTUDIO DE LA CAPACITACIÓN ESPERMÁTICA DEL MURCIÉLAGO *Corynorhinus mexicanus*

José Edwin Mendoza-Sánchez<sup>1</sup>, Ahiezer Rodríguez-Tobón<sup>2</sup>, Edith Arenas-Ríos<sup>3</sup>, Gerardo José Orta Salazar<sup>4</sup>, Claudia Lydia Treviño Santa Cruz<sup>4</sup>, Julio C. Chávez<sup>\*</sup>

<sup>1</sup>Maestría en Biología de la Reproducción Animal. Universidad Autónoma Metropolitana, Iztapalapa. Ciudad de México, CDMX.

<sup>2</sup>Laboratorio de Biología y Ecología de Mamíferos. Universidad Autónoma Metropolitana, Iztapalapa. Ciudad de México, CDMX.

<sup>3</sup>Laboratorio de Morfofisiología y Bioquímica del Espermatozoide. Universidad Autónoma Metropolitana, Iztapalapa. Ciudad de México, CDMX.

<sup>4</sup>Consorcio de Fisiología del Espermatozoide. Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Morelos, México.

\*Correspondencia: Julio César Chávez Zamora, julio.chavez@ibt.unam.mx

Palabras clave: Calcio, CatSper, murciélagos, capacitación, espermatozoide

La capacitación de los espermatozoides de mamíferos involucra cambios bioquímicos y fisiológicos como el aumento del Ca<sup>2+</sup> intracelular, una hiperpolarización del potencial de membrana y la hiperactivación de los espermatozoides, entre otros. Estos cambios les confieren a los espermatozoides la capacidad de fecundar. En estos cambios se ha observado la participación de un canal de Ca<sup>2+</sup> llamado CatSper, quien a su vez participa en la hiperactivación, y un canal de K<sup>+</sup> de la familia SLO. En el murciélagos *Corynorhinus mexicanus*, hay una asincronía entre la espermatogénesis y el almacenamiento de espermatozoides en los machos, con la receptividad de la hembra. Los espermatozoides se producen de julio a septiembre. Posteriormente, los espermatozoides se almacenan en el epidídimo de octubre a diciembre, que representa el periodo reproductivo. En este periodo los testículos pierden tamaño y masa (regresión testicular), indicando una producción de espermatozoides baja o casi nula. Adicionalmente, tras el apareamiento las hembras pueden almacenar los espermatozoides algunos meses más, iniciando la fecundación de los ovocitos en enero-febrero. Por lo tanto, no está claro cuándo tiene lugar la capacitación de los espermatozoides de *C. mexicanus* y qué entidades moleculares participan en este proceso. En este trabajo, describimos por primera vez la presencia del canal de Ca<sup>2+</sup> CatSper. Observamos mediante colorantes fluorescentes y por electrofisiología un aumento de Ca<sup>2+</sup> y corrientes sensibles a alcalinización y a progesterona. Este aumento de Ca<sup>2+</sup> y las corrientes se inhiben por el antagonista de CatSper RU1968. Por otro lado, observamos una hiperpolarización del potencial de membrana asociada a la capacitación y durante el almacenamiento prolongado de los espermatozoides en el macho. En conclusión, nuestros resultados sugieren que los espermatozoides de *C. mexicanus* tienen un CatSper funcional y experimentan un proceso de capacitación como el de otros mamíferos, en particular el flujo de Ca<sup>2+</sup> y los cambios del potencial de membrana.

**Agradecimiento:** Agradecemos la donación del antagonista RU1968 por parte del Dr. Alberto Darszon, quien a su vez recibió dicha donación por parte del Dr. Timo Strünker.

**Financiamiento:** DGAPA IA200419 a JCC y IN202519 a CLTS

## REAREGLOS ESTRUCTURALES EN LAS TOXINAS Cry PARA LA FORMACION DE POROS: UNA ESTRATEGIA COMÚN ENTRE LAS TOXINAS INSECTICIDAS DE *Bacillus thuringiensis*

**Sabino Pacheco\*, Isabel Gómez, Mario Soberon y Alejandra Bravo**  
Instituto de Biotecnología, UNAM. Departamento de Microbiología Molecular.  
\*Sabino Pacheco: sabino.pacheco@ibt.unam.mx.

*Palabras clave: Toxinas Cry, Formación de poro, Cambios conformacionales.*

Las toxinas insecticidas Cry producidas por *Bacillus thuringiensis* se ensamblan en estructuras oligoméricas que se insertan en las células del intestino medio de insectos susceptibles, y en consecuencia forman poros en la membrana celular para matar a los insectos. El Dominio I de las toxinas Cry está implicado en la oligomerización de toxinas y su inserción en la membrana, mientras que los Dominios II y III participan en la unión y especificidad al interactuar con receptores.

En este simposio presentaremos datos sobre los cambios estructurales involucrados en la inserción del oligómero en la membrana. Para determinar la topología de la toxina Cry1Ab en la membrana, se introdujeron puentes disulfuro entre diferentes  $\alpha$ -hélices del Dominio I para restringir su movimiento. Las toxinas con puentes disulfuro entre las hélices  $\alpha$ -2 y  $\alpha$ -3, o entre las hélices  $\alpha$ -3 y  $\alpha$ -4, perdieron la capacidad de oligomerizar. Además, se realizaron análisis de FRET para medir las distancias de diferentes puntos en la toxina al plano de la membrana, y ensayos de quenching colisional de la fluorescencia para analizar la protección de residuos marcados con fluoróforos específicos al quenchedor KI. Los datos mostraron que el Dominio I de la toxina Cry sufre un cambio conformacional importante, donde las hélices  $\alpha$ -2 y  $\alpha$ -3 se mueven y permanece abajo de la hélice  $\alpha$ -4, lo que respalda un nuevo modelo de inserción y proponemos que las hélices  $\alpha$ -2,  $\alpha$ -3 y  $\alpha$ -4 podrían estar formando el lumen del poro, ensamblandose por interacciones coil-coiled semejando una aguja larga que se inserta en la membrana. Este modelo se parece a los cambios conformacionales observados durante la inserción en la membrana de Vip3, otra toxina insecticida *B. thuringiensis*. En general, los datos presentados aquí rompen un paradigma, mostrando un nuevo modelo de inserción, diferente al clásico "modelo de paraguas", que explica los cambios estructurales que sufren las toxinas Cry al insertarse en la membrana.

**Agradecimiento.** Este trabajo contó con el financiamiento de PAPPIT (IN206721) y CONACYT-CF (6693).

## AVANCES EN EL ESTUDIO DEL CRECIMIENTO DETERMINADO DE LA RAÍZ Y LA SELECCIÓN DE UNA(S) ESPECIE(S) MODELO DE CACTÁCEAS

**Gustavo Rodríguez Alonso<sup>1</sup>, Juan Pablo Villa Nuñez<sup>1</sup>, Verónica Lira Ruan<sup>2</sup>, Yuleimi Corín Pacheco Blancas<sup>1,3</sup>, Ramsés Uriel Albarrán Hernández<sup>1</sup>, Mayra Liliana López Valle<sup>1,5</sup>, Damien Formey<sup>4</sup>, Felipe Hernández Bermúdez<sup>1,5</sup>, Alejandra Lara Vargas<sup>1,2,5</sup>, Julieta Olvera Berruecos<sup>1,2</sup>, Sofía Esteban Hernández<sup>1,2</sup>, Selene Napsucialy Mendivil<sup>1</sup>, Joseph Dubrovsky<sup>1</sup> y Svetlana Shishkova<sup>1\*</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biología Molecular de Plantas, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, México; <sup>2</sup>IICBA-CIDC, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Cuernavaca, México; <sup>3</sup>Universidad Politécnica de Morelos, Cuernavaca, México; <sup>4</sup>Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, México; <sup>5</sup>Estudiantes anteriores recientes.

\*Autor para correspondencia, svetlana.shishkova@ibt.unam.mx

*Palabras clave: Cactaceae, desarrollo de la raíz, especies modelo.*

Las plantas de la familia Cactaceae cuentan con varias adaptaciones para prosperar en los hábitats áridos y semi-áridos. Hemos estado estudiando una de estas adaptaciones, el crecimiento determinado de la raíz primaria. La raíz primaria de la mayoría de las especies vegetales presenta crecimiento indeterminado debido a que el meristemo apical de la raíz (RAM, por sus siglas en inglés) se mantiene activo por periodos largos, en cambio, en la raíz primaria de muchas especies de cactáceas las células del RAM pasan por pocos ciclos celulares y después todas las células del ápice de la raíz se diferencian; es decir, se presenta crecimiento determinado. El crecimiento determinado de la raíz primaria y de las raíces laterales de estas cactáceas conduce a la formación de un sistema radical compacto que permite a las plantas jóvenes establecerse en condiciones de aridez. Anteriormente secuenciamos el transcriptoma y el microtranscriptoma del ápice de la raíz primaria en etapas del desarrollo, cuando el RAM está activo o agotado; así como el degradoma del sistema radical completo del cardón (*Pachycereus pringlei*). Las plantas adultas de este cactus columnar desértico alcanzan varios metros de altura, y empiezan a florecer después de varias décadas; sin embargo, nos han servido mucho por la facilidad de obtener decenas de miles de semillas. Platicaré de nuestros avances en el análisis de estos datos. Para poder analizar genes-candidatos que pudieran estar involucrados en la regulación del crecimiento determinado de la raíz, estamos buscando cactáceas, las cuales se podrían convertir en especie(s) modelo para estudios moleculares y fisiológicos de las adaptaciones de cactáceas. Algunas de las características deseables para especies vegetales modelo son: ciclo de vida corto, tamaño pequeño y la facilidad de cultivar en laboratorio, facilidad de obtener muchas semillas, posibilidad de obtener plantas transformadas. Platicaré de ventajas y desventajas de las especies de cactáceas que estamos considerando para este fin.

**Agradecimiento.** Agradecemos las siguientes fuentes de financiamiento reciente para los proyectos de cactáceas, otorgados a S.S.: PAPIIT-UNAM IN201318 y IN210221; CONACyT CB240055 y CF304301. Además, estamos compartiendo insumos y equipos adquiridos con los proyectos de estudio de *Arabidopsis thaliana*, otorgados a J.D.: PAPIIT-UNAM IN200818 y IN204221; CONACyT-CB A1-S-9236.

## TEJIENDO HIPÓTESIS: EL ANÁLISIS DE REGULACIÓN DIFERENCIAL COMO UNA HERRAMIENTA PARA ESTUDIAR FENÓMENOS COMPLEJOS

**David Valle-García<sup>1</sup>, Tomás Villaseñor-Toledo<sup>1</sup>, Romana T. Pop<sup>2</sup>, Víctor Osio-Becerro<sup>1</sup>, Karla F Meza-Sosa<sup>1</sup>, Carolina Serrano<sup>3</sup>, Sol Díaz de Leon-Guerrero<sup>1</sup>, Rogelio Hernández-Pando<sup>4</sup>, Porfirio Nava<sup>3</sup>, Marieke L. Kuijjer<sup>2,5,6</sup>, Leonor Pérez-Martínez<sup>1</sup> and Gustavo Pedraza-Alva<sup>1\*</sup>**

<sup>1</sup>Laboratorio de Neuroinmunobiología, Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México. Cuernavaca, Morelos, México; <sup>2</sup>Centre for Molecular Medicine Norway (NCMM), Nordic EMBL Partnership, University of Oslo, Oslo, Norway; <sup>3</sup>Departamento de Fisiología, Biofísica y Neurociencias, CINVESTAV. Ciudad de México, México; <sup>4</sup>Departamento de Patología Experimental. Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición “Salvador Zubirán”, Ciudad de México, México; <sup>5</sup>Department of Pathology, Leiden University Medical Center, Leiden, Netherlands; <sup>6</sup>Leiden Center for Computational Oncology, Leiden University Medical Center, Leiden, Netherlands.

\*Autor para correspondencia, Gustavo Pedraza-Alva: [gustavo.pedraza@ibt.unam.mx](mailto:gustavo.pedraza@ibt.unam.mx)

*Palabras clave: análisis de regulación diferencial, redes de regulación, colitis.*

El estudio de la expresión diferencial en diversos fenómenos biológicos ha sido una herramienta esencial para entender a nivel molecular cómo funcionan las células. Con la reducción en los costos y la popularización de las técnicas de secuenciación masiva, el RNA-seq se ha convertido en una herramienta ampliamente utilizada para estudiar los efectos transcripcionales de forma global y, a partir de éstos, sugerir hipótesis específicas que nos han permitido avanzar en el entendimiento de diversos procesos biológicos. Sin embargo, los cambios transcripcionales son sólo uno de los muchos mecanismos que las células y los organismos tienen para contender con su entorno. Como un fenómeno subyacente a todos estos cambios, existe una compleja red de regulación en la que participan cientos de factores de transcripción que, en suma, permiten que las células establezcan perfiles de expresión específicos y dinámicos. Ya sea que estos perfiles sean programados, patológicos o una respuesta al estrés, son fundamentales para que la célula mantenga una función dada. Es por ello que, para entender de forma más profunda cómo las células regulan sus genes, es necesario no sólo estudiar sus cambios transcripcionales, sino tratar de elucidar la red de regulación que los provoca. En este sentido, el análisis de regulación diferencial se presenta como un modelo muy atractivo para poder analizar, no sólo qué genes cambian su expresión, sino qué redes regulatorias se ven influenciadas ante un fenómeno.

En el presente trabajo utilizamos un modelo murino de colitis para entender cómo una serie de estimulaciones sensoriales que impactan el sistema nervioso central, conocidas como ambiente enriquecido, tienen un efecto en la patología. Fenotípicamente, los ratones expuestos al ambiente enriquecido, que es un ambiente social de constante novedad sensorial, tienen una notable mejoría en el desarrollo de la enfermedad comparados con ratones que están expuestos a un ambiente no estimulado. Para entender a nivel molecular el efecto del ambiente enriquecido, realizamos análisis de RNA-seq en el colon de animales expuestos al ambiente enriquecido y/o al desarrollo de colitis. De forma sorprendente, a nivel de cambios en la expresión, los animales que desarrollan colitis y están expuestos al ambiente enriquecido no muestran cambios significativos con respecto a sus controles, a pesar de que fenotípicamente sí los tienen. Para resolver este predicamento, realizamos una predicción de las redes regulatorias subyacentes a cada condición y posteriormente analizamos cómo éstas cambian de una condición a otra. Este análisis es conocido como análisis de regulación diferencial (DRA, por sus siglas en inglés). A diferencia del análisis de expresión diferencial, que sólo determina cambios en los niveles de transcrito, el DRA mostró cambios significativos en las redes regulatorias entre los ratones expuestos al ambiente enriquecido con respecto a sus controles. Al analizar dichas redes, encontramos que muchas de ellas estaban ligadas al regulador maestro Myc. Aunque trabajos previos ya habían identificado una correlación entre Myc y el desarrollo de colitis y cáncer de colon, hasta la fecha no se había sugerido su implicación en la respuesta al ambiente enriquecido. Para validar que Myc efectivamente está alterado en

respuesta al ambiente enriquecido, realizamos ensayos de Western Blot para demostrar que Myc disminuye significativamente en los animales expuestos a dicho ambiente, como lo predijo nuestro análisis de DRA. Esto abre una nueva línea de investigación que actualmente estamos explorando y que propone a Myc como un regulador esencial de la homeostasis en el colon. Gracias al Análisis de Regulación Diferencial pudimos identificar un blanco que, de otra manera, hubiera pasado desapercibido. Esto muestra la utilidad y la significancia de esta clase de análisis. Actualmente estamos aplicando el mismo tipo de análisis a otros modelos biológicos y esperamos que sea una herramienta útil para otros investigadores del instituto.

**Agradecimientos.** Agradecemos a la MVZ E. Mata y a G. Cabeza por el cuidado de los animales, a O. López por asistencia técnica y a Daniela Rodríguez por el proceso de tejidos histológicos. Este trabajo fue financiado parcialmente por los donativos: CONACyT IFC2016-2282 de L.P.-M.; DGAPA-UNAM/PAPIIT IA204117 de TV, IN213119 e IN217822 de L.P.-M. e IN211719 de G. P.-A. TV-T, DV-G, KFM-S, LP-M y GP-A son miembros del SNI (CONACyT).

# LAS VACUNAS CONTRA LA COVID-19 REFUERZAN LA INMUNIDAD DE VACUNADOS Y RECUPERADOS DE INFECCIONES DEL SARS-COV-2

Erika Garay<sup>1</sup>, Ángel Salgado<sup>1</sup>, Esteban Muñoz<sup>2</sup>, Sean Whelan<sup>3</sup>, Carlos Arias<sup>1</sup>, Susana López<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, UNAM; <sup>2</sup>División de Laboratorios de Vigilancia e Investigación Epidemiológica, IMSS, 07760 Ciudad de México; <sup>3</sup>Department of Molecular Microbiology Washington University School of Medicine, St. Louis, MO, USA.

\*e-mail: [susana@ibt.unam.mx](mailto:susana@ibt.unam.mx)

*Palabras clave: Anticuerpos neutralizantes, inmunidad híbrida, amplitud de la respuesta inmune*

La vacunación contra la enfermedad del coronavirus 2019 (COVID-19) usando distintas vacunas ha sido una estrategia racional para incrementar rápidamente la cobertura vacunal en México y en otras regiones del mundo. La inmunogenicidad generada por las vacunas de mRNA o de vector Adenoviral ha sido ampliamente estudiada, sin embargo contamos con poca información acerca de cómo se vio reforzada la inmunidad humoral en individuos vacunados después de haberse recuperado de una infección previa del SARS-CoV-2 en México. En este estudio de cohorte prospectivo, comparamos la respuesta inmune inducida por 3 esquemas de vacunación distintos en sujetos del Estado de México que ya habían sido infectados previamente con SARS-CoV-2 (inmunidad híbrida), con la de individuos no infectados del mismo rango de edad, y con perfiles epidemiológicos similares. Evaluamos la respuesta de anticuerpos contra la proteína del Spike (S) y los títulos de anticuerpos neutralizantes en ensayos con pseudovirus con la proteína S de distintas variantes del SARS-CoV-2. Encontramos que la vacunación reforzó la potencia y amplitud de la respuesta inmune humoral de sujetos recuperados de COVID-19 hasta por ~120 días posteriores a la vacunación. En ese mismo lapso de tiempo, mientras la variante Delta circuló en el país, los individuos estudiados no reportaron casos de infecciones con Delta; sin embargo, después de los ~139 días post vacunación, la tasa de infección de Ómicron fue mayor en los vacunados que en los individuos con inmunidad híbrida. Además, nuestros datos confirmaron que el intervalo de tiempo entre la infección y la primera dosis de la vacuna COVID-19 se relaciona de manera positiva con la respuesta de anticuerpos neutralizantes. En conjunto estas observaciones sugieren que la inmunidad híbrida confiere una protección de mayor espectro y que administración de distintas vacunas en Mayo del 2020 agilizó el tiempo de cobertura vacunal en México y redujo el número de casos severos de COVID-19 durante la 3ra ola de infección.

**Agradecimiento.** PAPIIT IV200420 y SECTEI/057/2020

## **TnaA modula la señalización de Notch en regiones regulatorias de *wingless* en el disco de ala de *Drosophila*.**

**Marco Rosales-Vega, Mario Zurita y Martha Vázquez\***

Instituto de Biotecnología, UNAM.

\*Martha Vázquez: martha.vazquez@ibt.unam.mx.

*Palabras clave: Notch, wingless, enhancers.*

En los eucariontes multicelulares las vías de señalización son parte esencial de la caja de herramientas para el desarrollo del organismo. En los discos de la larva de *Drosophila* las vías de Notch y Wingless (Wnt) están exquisitamente reguladas y cruzan información con otras vías de señalización para regular la expresión de cientos de genes que controlan la formación del patrón de tejidos, las tomas de decisión para formar linajes, la proliferación, la polaridad celular y la adhesión celular, entre otros procesos biológicos, y así formar al organismo adulto. El disco de ala, es uno de los órganos mejor estudiados en la Biología y se ha constatado que está formado por diversos dominios que originan diferentes regiones del tórax y del ala adulta. En estos discos, la expresión del gen *wingless* está altamente regulada en diferentes dominios del disco, ya que codifica para el ligando de la vía de Wnt y de su presencia depende la activación de la vía. Por otro lado, los complejos CSL son los efectores transcripcionales de la vía de Notch. Estos complejos actúan en enhancers, como activadores o represores de sus genes blanco. La función activadora ó represora de los complejos CSL se define por la presencia ó ausencia de subunidades clave, por lo que su recambio también está altamente regulado. El gen *tonalli* codifica para TnaA que es una posible E3 ligasa de SUMO. En esta plática, mostraré evidencia que indica que TnaA influencia la regulación transcripcional de genes blanco de Notch. También mostraré que TnaA actúa como un factor específico de disco, que modula la expresión del gen *wingless* en dominios del disco de ala y que se localiza físicamente en un enhancer que dirige la expresión de *wingless* hacia uno de los dominios específicos del disco de ala.

**Agradecimiento.** Este trabajo se financió con el donativo PAPIIT/UNAM IN202220 a M. Vázquez y por el donativo CONACYT-CF (2020-2280) a M. Zurita y M. Vázquez. M. Rosales-Vega agradece becas a CONACyT (#303929) y a PAPIIT/UNAM.

# MECANISMOS DE VIRULENCIA DE *Salmonella*, RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS E IDENTIFICACIÓN DE COMPUESTOS ANTIBACTERIANOS

**Grupo “Superbugs” / Víctor H. Bustamante**

Instituto de Biotecnología / UNAM

[victor.bustamante@ibt.unam.mx](mailto:victor.bustamante@ibt.unam.mx)

*Palabras clave: Salmonella, virulencia, antibióticos*

Desde hace varios años en nuestro grupo hemos venido estudiando los mecanismos moleculares que controlan la expresión de los genes de virulencia de *Salmonella*. En esta ocasión presentaremos resultados que han revelado novedosos circuitos de regulación involucrados en la expresión espacio-temporal y en el balance costo-beneficio de los factores de virulencia de *Salmonella*. Asimismo, mostraremos resultados que indican que la adaptación o reconexión de mecanismos de regulación ha sido una vía de expansión de las propiedades de virulencia de *Salmonella*.

Por otro lado, hablaremos sobre los proyectos de la otra línea de investigación que trabajamos en nuestro grupo, resistencia a antibióticos y desarrollo de nuevos compuestos antibacterianos. Estos proyectos están encaminados principalmente a la búsqueda de nuevos compuestos antibacterianos a partir de la microbiota de animales; por ejemplo, del ajolote y de diversos insectos nativos de México. Asimismo, en algunos de estos proyectos estamos evaluando la resistencia a antibióticos presente en el medio ambiente o en animales que no tienen contacto directo con los antibióticos. Además, hablaremos de nuestra participación en el proyecto con el Banco de México que estamos realizando junto con varios(as) colegas, en su mayoría del IBt.

**Agradecimiento.** Nuestro trabajo ha sido financiado en los últimos años por los donativos CONACYT-CB (254531), CONACYT-PN (2017-01-5182) y PAPIIT/UNAM (IN202418 y IN206321).

**Miembros actuales del grupo.** Estudiantes de Doctorado: Jessica Nava, Cynthia Concepción, Marcos Valdespino y Luis Romero. Estudiantes de Maestría: Mónica Aragón, Dania Brito y Magali Galicia. Estudiantes de Licenciatura: Michelle Salgado, Galilea Arellano, Astrid Lara, Rosa Sánchez, Alexis Téllez, Fernando Lévar

# ANÁLISIS FILOGENÉTICO Y TRANSCRIPCIONAL DE LOS MECANISMOS MOLECULARES DE RESPUESTA Y PERCEPCIÓN DEL OXÍGENO EN ANIMALES Y PLANTAS

Janet Palacios-Martínez<sup>1</sup> y Luis Cárdenas-Torres<sup>2\*</sup>

<sup>1y2</sup> Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, UNAM.  
Avenida Universidad 2001, Colonia Chamilpa, CP 62210, Campus Cuernavaca, Morelos.

\*luis.cardenas@ibt.unam.mx

*Palabras clave: transcripcionales, Ambystoma velasci y Phaseolus vulgaris.*

Desde su origen, las especies de plantas y animales han colonizado diversos ambientes; acuáticos y terrestres.

La adaptación a estos nuevos nichos ecológicos ha implicado cambios morfofisiológicos en los organismos, principalmente en los tejidos involucrados en el uso de la disponibilidad del oxígeno. En el caso de los animales, los primeros organismos en adaptarse de ambientes acuáticos a terrestres fueron los del grupo filogenético de los anfibios. En un proceso conocido como metamorfosis, en el que los organismos son acuáticos en estadios larvarios y adquieren características terrestres en estadios adultos. Tal es el caso particular de *Ambystoma velasci*. Analizamos el paisaje transcripcional del corazón, pulmones y branquias que son órganos involucrados en el sistema circulatorio y respiratorio, en diferentes estadios de la metamorfosis en *A. velasci*. Identificamos 4,064 genes diferencialmente expresados en el corazón, 4,107 genes diferencialmente expresados en los pulmones y 8,265 en las branquias. Entre los genes diferencialmente expresados en el corazón observamos los involucrados con la diferenciación de cardiomiocitos en la zona interatrial, de vasculogénesis y de maduración de las válvulas de las arterias coronarias. En el pulmón, identificamos genes relacionados con la angiogénesis, con el proceso de alveolarización y los involucrados en la síntesis de la proteína surfactante. Por último, en las branquias los genes con expresión diferencial fueron los relacionados con la degradación de la matriz extracelular, con el proceso de apoptosis y con la síntesis de queratina. Estos resultados nos permiten sugerir que en el proceso de la metamorfosis de *A. velasci* la disponibilidad de oxígeno en diferentes ambientes tiene un papel determinante. En ese sentido, se ha sugerido que en las plantas los mecanismos de percepción y respuesta a la disponibilidad del oxígeno están modulados por el ambiente. En este proyecto realizaremos la reconstrucción filogenética del core de genes que están involucrados en la hipoxia y la respuesta a las bajas concentraciones de oxígeno en plantas pertenecientes a diferentes taxa de su historia evolutiva. Además, realizaremos un repositorio *open access* de los perfiles transcripcionales de los patrones de expresión del core de genes directamente relacionados con la hipoxia en diferentes tejidos y estadios del desarrollo. Particularmente de los tejidos que contengan nichos hipóxicos, como los primordios de las raíces y los nódulos simbióticos en las leguminosas. Además, dado que muchos de los genes de respuesta a hipoxia también se inducen en la respuesta a patógenos, es de nuestro interés abordar la expresión de estos genes en la formación del hilo de infección en la nodulación y de los arbusculos en la micorrización de la leguminosa modelo *Phaseolus vulgaris*. Este análisis nos permitirá comprender con mayor detalle cómo han evolucionado los genes de respuesta a hipoxia a gran escala en la filogenia de las plantas, y sus patrones de expresión en ciertos tejidos con nichos hipóxicos en leguminosas.

**Agradecimiento.** Proyecto CONACYT-319643 intitulado “Generando nuevos paradigmas en la respuesta de las plantas a ambientes hipóxicos: las especies reactivas de oxígeno como señales de estrés, reguladores del crecimiento y del desarrollo”, Ciencia de Frontera – Paradigmas y Controversias de la Ciencia 2022.

## **Biopelícula conductiva de *Geobacter sulfurreducens*, implicaciones en la producción de bioelectricidad**

**José Alberto Hernández-Eligio<sup>1</sup>, Juan Bernardo Jaramillo<sup>1</sup>, Guillermo Huerta<sup>3</sup>, Luis Miguel Rodríguez<sup>1</sup>, Leticia Vega-Alvarado<sup>2</sup>, Dulce Castrejón<sup>1</sup>, Daniela Mejía<sup>1</sup>, Sergio Martínez<sup>1</sup>, Margarita Miranda<sup>3</sup>, Katy Juárez<sup>1\*</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, UNAM; <sup>2</sup>Instituto de Ciencias Aplicadas y Tecnología, UNAM; <sup>3</sup>Instituto de Energías Renovables, UNAM. [katy.juarez@ibt.unam.mx](mailto:katy.juarez@ibt.unam.mx)

*Geobacter, bioelectricidad, biopelícula electroconductiva*

*Geobacter sulfurreducens* es una bacteria anaeróbica, que habita en el subsuelo, juega un papel relevante en diversos ciclos biogeoquímicos, presentando una gran versatilidad metabólica, lo que le ha permitido acoplar la oxidación de la materia orgánica a la reducción de metales, entre los que se encuentran Fe(III), Mn(VI), U(VI), Cr(VI) entre otros. Esta bacteria es capaz de transferir electrones extracelularmente a sustratos insolubles, como electrodos en dispositivos bioelectroquímicos lo que permite ser empleada para la generación de bioenergía, pero también ser empleada en la biorremediación de metales pesados.

Uno de los aspectos más importantes en la transferencia de electrones a sustratos insolubles y principalmente a electrodos, es la formación de biopelícula y la expresión del e-pili y/o nanocables conductivos, por lo que el estudio de su estructura y la regulación de la expresión de sus componentes adquiere una gran relevancia en cuanto a aplicaciones se refiere y potencial biotecnológico.

En nuestro laboratorio nos hemos enfocado al estudio de la regulación de la expresión genética de genes involucrados en la transferencia de electrones, la formación de biopelícula y la expresión de nanocables conductivos. Hemos generado diversas mutantes en reguladores globales como PilR, IHF, RpoN, FLP1 y FLP2, GSU1771 y CsrA, lo que nos ha permitido elucidar mecanismos de regulación complejos en los que participan y estudiar sus implicaciones en la transferencia de carga y estructura de la biopelícula. Se presentarán los avances recientes con algunas de estas mutantes, integrando estudios de expresión genética, transcriptómica, estudios bioelectroquímicos y análisis de la estructura de la biopelícula, en diferentes materiales de electrodo. Lo que ha permitido evaluar algunas de estas mutantes en celdas microbianas de combustible y caracterizarlas en cuanto a la transferencia de carga, haciéndolas muy atractivas para la producción de bioelectricidad.

Financiamiento de los últimos años CONACYT (CB-179684 and CB-255476); PAPIIT-UNAM No.IN210017, IN 212022.