



UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

La respuesta antiviral inducida por el virus zika disminuye la proliferación y viabilidad neuronal a través de un mecanismo dependiente de miR-7a

Nohemi Camacho Concha¹, María Elizabeth Santana Román¹, Itzel Escobedo Ávila², Karla Meza Sosa¹, Jimena López Mejía, Iván Velasco², Gustavo Pedraza Alva¹ y Leonor Pérez Martínez^{1*}
¹Instituto de Biotecnología de la UNAM; ²Instituto de Fisiología Celular de la UNAM.

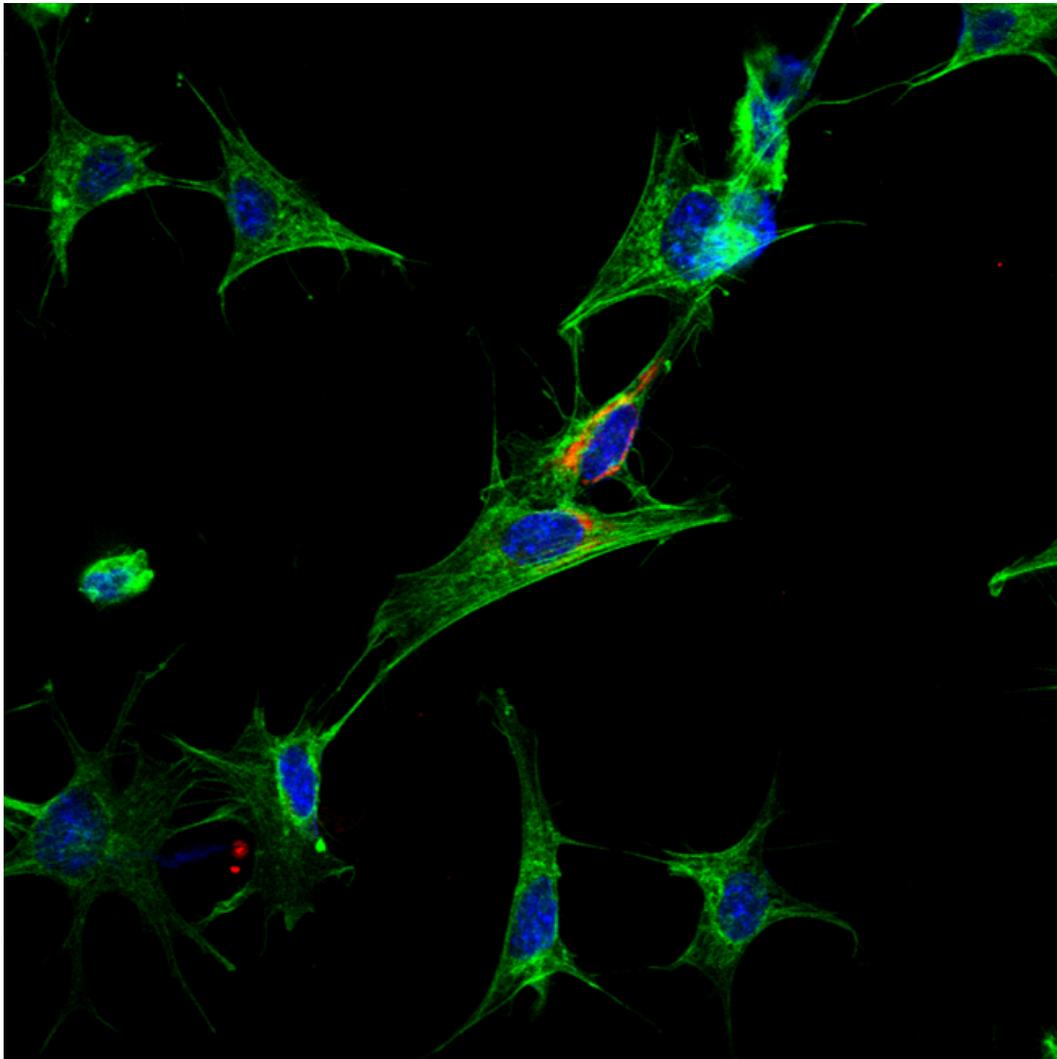
El desarrollo del sistema nervioso central es un proceso altamente regulado, que involucra una secuencia orquestada de factores genéticos y bioquímicos que controlan temporal y espacialmente la expresión génica. Durante este proceso, la abundancia y patrones específicos de expresión de los microRNAs en los principales linajes celulares del sistema nervioso central resalta la importancia de la regulación post-transcripcional específicamente en procesos de diferenciación y proliferación celular, así como en la plasticidad de conexiones sinápticas. De modo que, alteraciones en algún paso de estos procesos pueden inducir daño congénito.

A través de estudios caso, se ha establecido que la infección materna con el virus Zika (ZIKV) en la etapa gestacional puede inducir daño congénito tipo microcefalia, una malformación neonatal que se caracteriza por una cabeza de tamaño inferior, con malformaciones, desorganización y/o desarrollo anormal del cerebro, resultado de la disminución de la población celular ya sea por muerte celular o por diferenciación prematura; y a través de diversos estudios se ha demostrado que ZIKV infecta precursores neurales, precursores de oligodendrocitos, astrocitos, microglía y neuronas. En el presente estudio, investigamos si la respuesta antiviral frente a ZIKV afecta el desarrollo neuronal promoviendo la microcefalia a través de regular la expresión de los microRNAs previamente identificados en nuestro grupo que son regulados en respuesta a procesos inflamatorios.

Nuestros resultados, generados en un modelo *in vivo* en embriones de ratón C57BL6 y en un modelo *in vitro* en células mHypoE-N1 infectados con ZIKV, nos permitieron identificar como primer respuesta antiviral frente a ZIKV la vía mediada por NF- κ B, su activación correlacionó con un aumento en la secreción de interleucina 6 (IL-6) y fue seguida por la activación de STAT3 y SOCS3. Interesantemente, solo la expresión de miR-7a fue incrementada significativamente en respuesta a ZIKV. La capacidad proliferativa y la viabilidad celular fueron disminuidas significativamente tras la infección con ZIKV en comparación con las células no infectadas y este efecto fue prevenido en presencia de un antagomir específico para miR-7a. Al momento hemos identificado a Profilina 2, una proteína importante en la remodelación del citoesqueleto y la diferenciación celular, como blanco de miR-7a.

Estudio parcialmente financiado por la DGAPA [donativos PAPIIT IN217822 and IN216922] y por el SECIHTI [donativos CBF2023-2024-878, IFC 2016-2282 y CF/2019-40792].

Imagen representativa:





UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

Estudio del papel del factor transcripcional AIB/JAM1 en la regulación de la expresión génica mediada por glucosa en *Arabidopsis thaliana*

María Isabel Cruz-López¹, Gustavo Rodríguez-Alonso², Kenny Alejandra Agreda-Laguna¹, Patricia León¹ y **Elizabeth Cordoba**¹

¹Departamento de Biología Molecular de Plantas, Instituto de Biotecnología, UNAM-Campus Morelos, 62210. ² Centro de Investigación en Dinámica Celular, Instituto de Investigación en Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, 62210.

Los azúcares cumplen una función como moléculas que generan señales que regulan el desarrollo y crecimiento de las plantas. Actualmente se reconoce que las plantas poseen diversas vías por las que perciben y transducen las señales derivadas de los azúcares, sin embargo, aún se desconocen la mayoría de los componentes moleculares que las constituyen, así como los mecanismos de regulación involucrados. A través de su función señalizadora se ha evidenciado que los azúcares, y en particular la glucosa (Glc), regulan la expresión génica a diferentes niveles, siendo más reconocido su efecto a nivel transcripcional. Con la finalidad de identificar componentes de las vías de señalización por azúcares, hemos caracterizado al promotor y regulación del gen *STP1*, cuya expresión se reprime en respuesta a Glc, en *Arabidopsis thaliana*. A través de ensayos de DNA *pull-down* y utilizando la región del promotor de *STP1* donde se ubican los elementos en *cis* que regulan su expresión por Glc, se identificó al factor transcripcional AIB/JAM1 (ABA INDUCIBLE bHLH/JASMONATE-ASSOCIATED MYC2-LIKE1). La caracterización de mutantes en AIB/JAM1 evidenció que poseen un fenotipo de hipersensibilidad a Glc, mientras que un análisis transcriptómico, en presencia de Glc, demostró que genes involucrados en los procesos de fotosíntesis y respiración se encuentran afectados en la mutante. Estos resultados permitieron establecer que AIB/JAM1 participa en la regulación de respuestas génicas y metabólicas mediadas por Glc, en etapas tempranas del establecimiento de las plántulas, que permiten la transición de un estado heterótrofo a uno autótrofo. Con el interés de establecer el mecanismo involucrado en la regulación de la expresión por Glc a través de AIB/JAM1, se analiza su interacción con factores transcripcionales tipo MYB y con la subunidad MED14 del complejo MEDIATOR.



UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

Identificación computacional de aril-CoA ligasas involucradas en las vías de degradación de hidrocarburos aromáticos en genomas de arqueas y bacterias

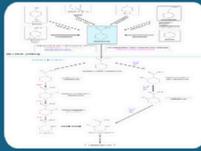
Rosa María Gutiérrez Ríos*, Isamar Maydeth Vidal Silva, Jimena Arreola Calderón, Camila Monserrat Godínez-Pérez, Juan Manuel Hurtado Ramírez, Erick Cruz Santiago y Antonio Loza

Los hidrocarburos aromáticos (AH) son contaminantes ambientales persistentes debido a la estabilidad de sus anillos bencénicos. Algunos microorganismos pueden degradar AH en condiciones anóxicas utilizando aceptores alternativos de electrones, convirtiéndolos en tioésteres de CoA, siendo el benzoato un modelo clave. El benzoato puede transformarse en el intermediario central, benzoil-CoA, mediante la actividad enzimática de la benzoato-CoA ligasa, miembro de la familia de las aril-CoA ligasas (ACL). Distintas enzimas ACL que catalizan el benzoato y compuestos relacionados comparten dominios proteicos conservados, un rasgo distintivo de la familia de enzimas formadoras de adenilato, que puede conducir a la anotación errónea de ortólogos [1,2].

Para abordar esto, desarrollamos herramientas bioinformáticas y realizamos análisis genómicos comparativos para identificar con precisión los ortólogos de ACL y sus vías asociadas. Estas herramientas ayudan a distinguir entre rutas de degradación microaeróbicas, anaeróbicas e híbridas. Encontramos ACL principalmente en Beta-, Alfa- y Gammaproteobacteria, así como en Actinomicetos, y en las ligasas fenilacetato y 2-aminobenzoato-CoA en Halobacteria (Archaea). Sin embargo, solo se conservaron los primeros pasos de degradación de la vía catabólica fenilacética.

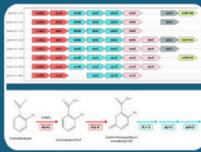
Aunque algunos parálogos no pudieron resolverse definitivamente, los análisis del contexto filogenético y genómico sugieren que esta redundancia podría ayudar a optimizar las estrategias catabólicas bacterianas.

1. Godínez-Pérez CM, Loza A, Hurtado JM, Gutiérrez-Ríos RM. The benzoyl-CoA pathway serves as a genomic marker to identify the oxygen requirements in the degradation of aromatic hydrocarbons. 2024. *Front Microbiol.* 9;14:1308626.
2. Robinson SL, Terlouw BR, Smith MD, Pidot SJ, Stinear TP, Medema MH, Wackett LP. Global analysis of adenylate-forming enzymes reveals β -lactone biosynthesis pathway in pathogenic *Nocardia*. 2020. *J Biol Chem.* 295(44):14826-14839.

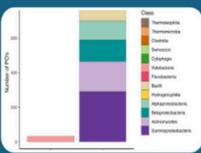


Degradación de hidrocarburos aromáticos (AHs)

- Aril-CoA ligasas
- Condiciones anóxicas

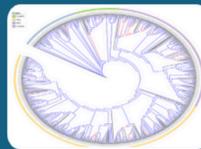


Predicción computacional de clusters degradativos



Distribución taxomica

- Bacterias
- Arqueas



Hipótesis evolutivas

- Adquisición de las enzimas de las vías
- Estrategias y mecanismos adaptativos



UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

El remodelador de la cromatina ATRX y su importancia en el mantenimiento de la estabilidad genómica

Mauro Magaña Acosta, Zazil Renee Velazquez, Silvia Meyer, Joselyn Chávez, Juan Murillo, Mario Zurita, **Viviana Valadez-Graham***

Palabras clave: heterocromatina, estabilidad genómica, complejos remodeladores.

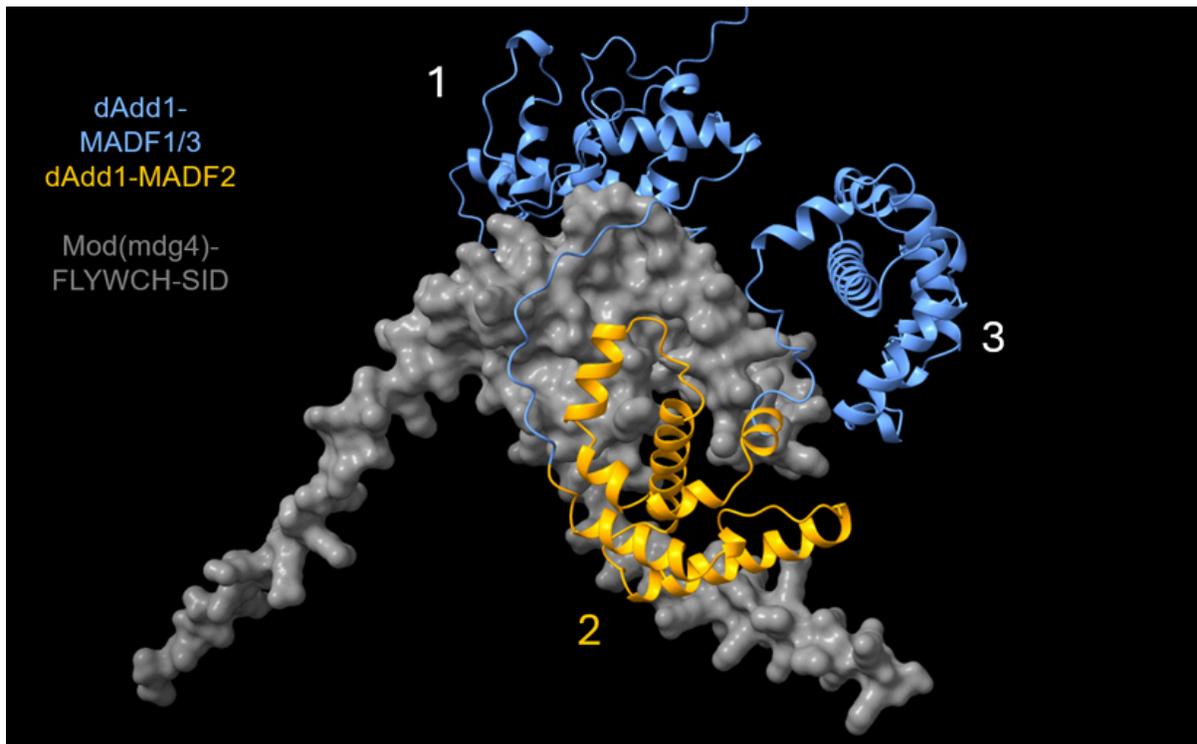
El mantenimiento de la estabilidad genómica es fundamental para el correcto desarrollo de los organismos ya que juega un papel esencial en distintos procesos celulares como la división celular, la diferenciación y la transcripción genética entre otros. Fallas en su mantenimiento se asocian directamente a la aparición de aberraciones cromosómicas y fallas transcripcionales que se traducen en diferentes patologías entre ellas el cáncer.

La heterocromatina puede ser de diferentes tipos, constitutiva y facultativa, la primera se encuentra en regiones pericentroméricas, subteloméricas y contiene secuencias retrovirales y regiones altamente repetidas, la segunda puede cambiar con respecto al tipo celular estudiado y puede encontrarse en diferentes sitios en el genoma. La heterocromatina se establece y se mantiene durante el ciclo celular y el desarrollo por distintos complejos remodeladores los cuáles son complejos multiproteicos que contienen diferentes funciones enzimáticas que inciden directamente sobre componentes de la cromatina y ayudan a regular los distintos procesos celulares. En particular el remodelador ATRX es una proteína que conserva un dominio del tipo SNF2, con una función de ATPasa la cual proporciona la energía necesaria para que, junto con la chaperona DAXX, se lleve a cabo el intercambio de la variante de histonas H3.3 en regiones heterocromáticas de los cromosomas como las subteloméricas y pericentroméricas. La presencia de del remodelador en estas regiones es necesaria para mantener la heterocromatinización y el silenciamiento transcripcional, impidiendo así la expresión de elementos transponibles y regulando la replicación de secuencias altamente repetidas que pudieran originar inestabilidad cromosomal.

Nosotros utilizamos a *Drosophila melanogaster* como un modelo biológico más simple que nos provee de diversas herramientas genéticas que nos permiten estudiar y entender las funciones de estas proteínas durante el desarrollo del organismo. En este seminario, presentaremos los datos de la caracterización que hemos hecho de los ortólogos de estas proteínas, los mecanismos moleculares que hemos caracterizado en *Drosophila* y que están conservados evolutivamente y que utilizan

estas proteínas para mantener la estabilidad genómica así como también su participación en procesos tan importantes como la transcripción, la organización del genoma y la respuesta a estrés.

Agradecimiento a donativos: CONACyT AI-S-8239, PAPIIT IN203521, IN218425.





UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

El calcio es un intermediario en la inducción de la reticulofagia mediada por ATG8i durante el estrés osmótico en *Arabidopsis thaliana*

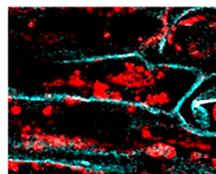
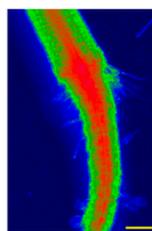
Luis G. Castillo-Olamendi, Joanna M. Gutiérrez-Rodríguez, Ausencio Galindo-Olea y **Helena Porta**.

La autofagia es un proceso catabólico altamente conservado en las células eucariotas que permite la degradación y el reciclaje de componentes citoplasmáticos dañados o innecesarios, incluyendo proteínas, complejos proteicos, agregados de ácidos nucleicos e incluso orgánulos completos. Desempeña funciones esenciales tanto en el desarrollo como en las respuestas al estrés ambiental.

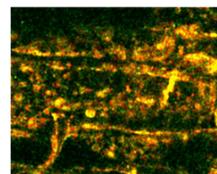
En este estudio, investigamos la regulación de la autofagia en respuesta al estrés osmótico, enfocándonos en la dinámica de la proteína ATG8i etiquetada con RFP y la posible participación del ion calcio citosólico (Ca^{2+}) en este proceso. Nuestros hallazgos indican que tanto el estrés osmótico como la señalización por Ca^{2+} modulan la acumulación de autofagosomas marcados con RFP-ATG8i de manera órgano-específica. Además, la colocalización observada de RFP-ATG8i con el marcador del retículo endoplásmico (RE) HDEL sugiere un papel significativo de ATG8i en la ER-fagia, lo que resalta su posible contribución al recambio del RE bajo condiciones de estrés.

ESTRÉS OSMÓTICO

ACUMULACIÓN
DEL ION CALCIO



AUTOFAGIA



RETICULOFAGIA



UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

Hialuronan sintasa de *Pasteurella multocida*: Bases moleculares de la selectividad de la N-acetilglucosamina

Flores-Pacheco Gerardo¹, Raga-Carbajal Enrique², Aguayo Rodrigo³, Rudiño Enrique¹, Ayala Marcela¹, **Olvera-Carranza Clarita¹**

La hialuronan sintasa de *Pasteurella multocida* (pmHAS) es responsable de la síntesis de ácido hialurónico, el cual es un glicosaminoglicano (GAG), compuesto por unidades repetidas de un disacárido formado por una combinación de una molécula de N-acetilglucosamina (GlcNAc) y un ácido glucorónico (2 y 3). Debido a las importantes aplicaciones que tiene el ácido hialurónico en la industria médico-farmacéutica y cosmetológica existe un gran interés en entender los mecanismos moleculares para la síntesis de este biopolímero. Este trabajo pretende generar información sobre los elementos estructurales involucrados en el reconocimiento del UDP-GlcNAc de pmHAS.

En primera instancia se llevó a cabo un modelo por homología de la pmHAS para realizar estudios in silico como acoplamiento y dinámica molecular empleando el sustrato N-acetilglucosamina. Derivado de estos estudios se identificaron 11 residuos posiblemente involucrados en el reconocimiento a la UDP-GlcNAc. Se generaron y analizaron mutantes en dos residuos clave para el reconocimiento del sustrato, la T165A y F225A mostrando una pérdida de la actividad del más del 90%, confirmando la importancia de las interacciones de estos residuos en el reconocimiento al sustrato UDP-GlcNAc. Por otro lado, estudios in silico de predicción de los efectos de mutaciones simples sobre la interacción proteína-ligando, calculando los cambios de afinidad (PremPLI) sugirieron que el cambio por la P del residuo T165, llevaría a un aumento en la afinidad de unión de la UDP-GlcNAc con la pmHAS.

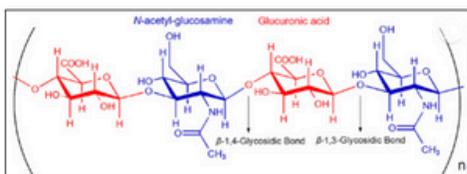
Experimentalmente, se demostró que el cambio de una treonina en la posición 165 por una prolina, aumentó 4 veces la afinidad de la pmHAS por ambos sustratos (Km) probablemente debido a ganancia de interacciones entre la prolina, el sustrato y los residuos aledaños, como el aspártico 247 y cisteína 248, que ayudan a mantener una mayor estabilidad de la proteína. El aumento en la Km impactó en la misma magnitud en la eficiencia catalítica por lo que podemos afirmar que generamos una hialuronan sintasa más eficiente en el consumo de sustrato.

Agradecimiento. A CONACYT por la beca otorgada con número 388112.

Referencias

1. Laurent TC, Fraser JR (1992) Hialuronano. FASEB J 6: 2397–2404.
2. De Angelis PL, et al. J Biol Chem. 15 de septiembre de 1993; 268 (26): 19181–4.
3. Jing W, PL DeAngelis. Glicobiología 2003 10B, 13, 661–671.

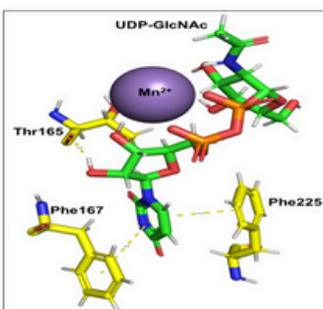
Hialuronan sintasa de *Pasteurella multocida*: Bases moleculares de la selectividad de la N-acetilglucosamina



El ácido hialurónico (AH) es un polímero lineal formado por unidades disacáridas repetidas β(1,4)-GlcUA-β(1,3)-GlcNAc.



Modelo molecular de la PmHaS



Residuos estudiados en este trabajo

| Enzima | Actividad específica (U/mg) |
|-------------|-----------------------------|
| PmHaS | 55.6 ± 0.47 |
| PmHaS F225A | 6.78 ± 0.42 |
| PmHaS T165A | 5.24 ± 0.38 |

| Mutación | Cambio de afinidad de unión ΔΔG |
|-------------|---------------------------------|
| PmHaS T165A | 0.48 |
| PmHaS T165P | -0.51 |

| Enzima | Sustratos | K _m (mM) | k _{cat} (S ⁻¹) | V _{max} (min ⁻¹) | k _{cat} /K _m (S ⁻¹ mM ⁻¹) |
|-------------|------------|---------------------|-------------------------------------|---------------------------------------|--|
| PmHaS | UDP-GlcUA | 0.078 | 5.61 | 14.03 | 71.67 |
| | UDP-GlcNAc | 0.123 | 3.72 | 9.30 | 30.17 |
| PmHaS T165P | UDP-GlcUA | 0.018 | 3 | 20.40 | 166.66 |
| | UDP-GlcNAc | 0.040 | 2.49 | 16.94 | 62.25 |



UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

25 Años de aprendizaje en la generación de scFvs neutralizantes de venenos de alacranes mexicanos

Lidia Riaño Umbarila, Investigadora por México, SECIHTI - Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología, UNAM. Laboratorio Dr. Baltazar Becerril.

Palabras clave: antiveneno, neutralización y scFvs

El reto de generar un conjunto de fragmentos de anticuerpos neutralizantes de todos los venenos de alacranes mexicanos peligrosos a humanos, nos ha llevado a abordar varios aspectos fundamentales. El primero es conocer la diversidad de venenos y sus componentes tóxicos, trabajo realizado inicialmente por el grupo del Dr. Possani en el que también participa el grupo del Dr. Becerril desde hace varios años, dado el creciente número de especies de importancia médica registrado en los últimos 15 años. Estos trabajos han permitido completar la caracterización del veneno de 12 especies, así como la confirmación de la toxicidad de los venenos que aún deben ser caracterizados. Antes se consideraba que sólo 7 especies eran importantes, luego se calculaba que eran 21 y hoy sabemos que son al menos 24 especies y otras que aún no se han descrito. De 12 especies cuyos venenos han sido caracterizados, se identificaron 30 componentes tóxicos diferentes, que corresponden a péptidos de 66 aminoácidos, con identidades mayores al 70% y que tienen diferente actividad sobre los canales de sodio dependientes de voltaje de células nerviosas. Esto nos muestra la complejidad asociada a la neutralización de cada veneno. El segundo aspecto, es el uso del despliegue en fagos de fragmentos de anticuerpos humanos en el formato de cadena sencilla (scFv) para identificar a los fragmentos capaces de neutralizar toxinas. En estos procesos de tamizado encontramos que, aunque las toxinas estructuralmente se estabilizan con cuatro puentes disulfuro, no todas son estables por lo que no mantienen su actividad tóxica con el tiempo. Estas observaciones explican porque la selección de los mejores scFvs no siempre es un proceso simple y exitoso. El tercer aspecto ha sido la implementación de procesos de evolución dirigida y combinatoria de cambios en las secuencias de los scFvs así como el diseño de mutaciones, para mejorar su afinidad por las toxinas y la ampliación la reactividad cruzada. Estas estrategias nos permitieron generar 2 grandes familias de fragmentos de anticuerpos humanos y una de ratón. Algunos procesos se realizaron favorablemente; sin embargo, otros procesos de maduración han tenido eventos de estancamiento y han sido más complejos para lograr la obtención de scFvs neutralizantes. A pesar de esto, hoy tenemos 5 scFvs: LR, 10FG2, HV, 11F y 2F (este último sin publicar) que neutralizan el veneno de 10 especies de alacranes

(*C. hirsutipalpus*, *C. huichol*, *C. infamatus*, *C. limpidus*, *C. noxius*, *C. tecomanus* de la costa, *C. sculpturatus*, *C. spp nov Cumpas*, *C. suffusus*, y *C. mascota*, este último resultado tampoco ha sido publicado). Se estima que estas 10 especies poseen alrededor de 20 toxinas diferentes. De los venenos no neutralizados, se sabe que varios de sus componentes tóxicos si son inhibidos por alguno de los scFvs, por lo que el avance global en la neutralización de los venenos de alacranes mexicanos es significativo.

REF .

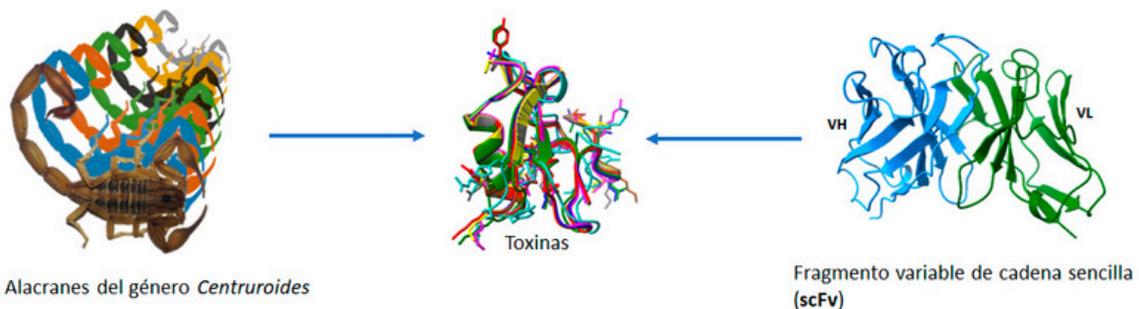
Riano-Umbarila,L, Romero-Moreno,J.A., Possani,L.D., Becerril,B. (2025). State of the art on the development of a recombinant antivenom against Mexican scorpion stings. *Toxicon*, 257, 108306. <https://doi.org/10.1016/j.toxicon.2025.108306>

Agradecimientos a:

- Los Drs. Baltazar Becerril y Lourival D. Possani
- Todos los integrantes del Lab. 7 así como al consorcio Possani, Becerril, Alagón y Corzo.
- Instituto de Biotecnología - UNAM

Donativos

- Consorcio: CONAHCYT – PRONAI 303045
- LRU: CONAHCYT CBF 2023-2025-528



En México se han identificado al menos 24 especies de alacranes del género *Centruroides* peligrosos a humanos. Del veneno de 12 especies caracterizadas, 30 toxinas de importancia médica han sido identificadas. A través del despliegue en fagos y procesos de evolución dirigida, ha sido posible generar fragmentos de anticuerpos recombinantes capaces de neutralizar a varias toxinas y venenos de alacranes.



UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

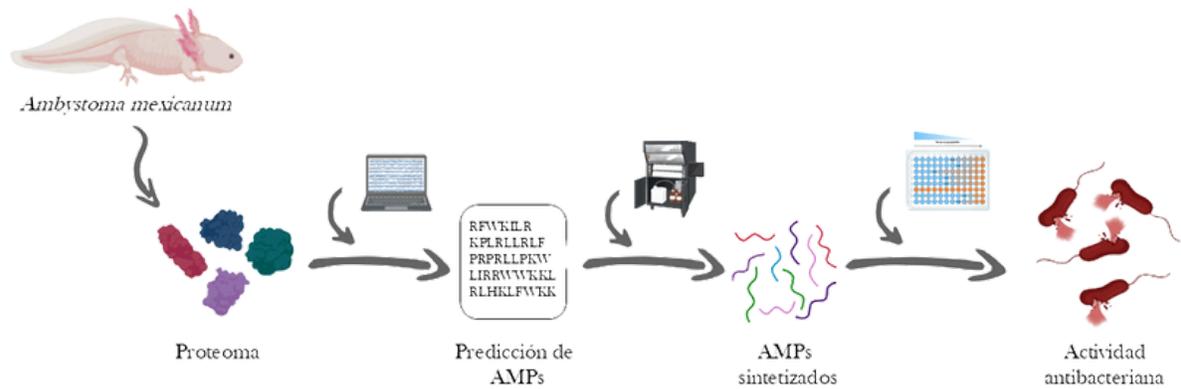
El proteoma del ajolote *Ambystoma mexicanum* como fuente de antibióticos peptídicos

Osmel Fleitas, Isabel Ruelas, Melissa Ocampo, Víctor Manuel Chávez, Georgina Gurrola, Lourival Domingos Possani, Constance Auvynet, Víctor H. Bustamante

La Organización Mundial de la Salud ha reconocido a la resistencia a los antibióticos como una de las principales amenazas para la humanidad. Este escenario hace necesaria la búsqueda y el desarrollo de compuestos antimicrobianos alternativos a los antibióticos convencionales. La minería de proteomas se ha adoptado como una estrategia para la búsqueda de antibióticos de origen peptídico, específicamente péptidos antimicrobianos (AMPs) encriptados, que son péptidos con actividad antimicrobiana que están embebidos en la secuencia de proteínas. Siguiendo este enfoque, realizamos minería del proteoma del ajolote mexicano *Ambystoma mexicanum*, mediante el uso de herramientas computacionales, para predecir AMPs con posible actividad contra bacterias patógenas para los humanos. Inicialmente se predijeron 14 AMPs con potencial actividad antibacteriana y baja actividad hemolítica. De estos, seleccionamos seis AMPs para sintetizarlos químicamente y evaluar experimentalmente su actividad antibacteriana, hemolítica y citotóxica. Los seis péptidos sintetizados mostraron actividad contra al menos una de las bacterias patógenas probadas (*Staphylococcus aureus*, *Acinetobacter baumannii*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Enterococcus faecium* o *Salmonella Typhimurium*), incluyendo contra cepas resistentes a antibióticos. Además, estos AMPs mostraron reducida o nula actividad hemolítica y citotóxica en diferentes líneas celulares, a la concentración mínima inhibitoria para su actividad antibacteriana. El AMP que presentó menor actividad hemolítica y menor actividad citotóxica también presentó menor actividad antibacteriana. Este último péptido fue modificado para incrementar su momento hidrofóbico. Interesantemente, el AMP modificado mantuvo la baja actividad hemolítica y citotóxica, pero incrementó notablemente la actividad antibacteriana con respecto a su AMP parental. Actualmente estamos analizando la actividad terapéutica de los AMPs que hemos identificado. Nuestros resultados muestran que el proteoma del ajolote *A. mexicanum* es una fuente valiosa para la búsqueda de nuevos antibióticos peptídicos.

Agradecemos al Dr. Ayixon Sánchez por facilitar el acceso a recursos informáticos, al M. en T.I. Juan Manuel Hurtado por el soporte informático, a la Dra. Jimena Isaias Cid y al Dr. Fernando Zamudio por su ayuda con la espectrometría de masas. A la Dirección General de Asuntos del Personal Académico (DGAPA) de la UNAM, por la beca

posdoctoral (CJTC/CTTC/1368/2024) otorgada al Dr. Osmel Fleitas, y a PAPIIT/DGAPA y SECIHTI por los donativos IG200224 y CF-2023-I-425, respectivamente, otorgados al Dr. Víctor Humberto Bustamante.





UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

Participación del complejo TRiC/CCT en el ciclo replicativo de rotavirus RRV

Jey Hernández-Guzmán, Guadalupe Sanchez, Emmanuel Pichardo, Carlos F Arias, Susana López,
Carlos Sandoval-Jaime.

La NSP3 es una proteína viral no estructural del rotavirus, cuya función durante la replicación viral aun no es completamente conocida. Con el objetivo de comprender mejor sus funciones y asociaciones, se utilizó la técnica BioID, que permitió identificar múltiples proteínas celulares potencialmente interactuando con NSP3, destacando entre ellas el complejo de chaperoninas TRiC/CCT, conocido por su participación en el plegamiento y estabilidad de proteínas dependiente de ATP. A partir de estos hallazgos, se corroboró la interacción entre NSP3 y la subunidad CCT2 del complejo TRiC/CCT mediante ensayos de ligación por proximidad, y se evaluó su impacto funcional en el ciclo viral. El silenciamiento génico de la subunidad CCT2 mediante siRNAs redujo en aproximadamente un 50 % la producción de progenie viral, mientras que el uso del inhibidor específico del complejo TRiC/CCT, *TRiCi*, provocó una disminución superior al 90 % en la producción de virus infeccioso a las 6 y 15 hpi. En paralelo, también se cuantificaron mediante WB los niveles de abundancia de las proteínas NSP3, VP4, VP6 y VP7 en células infectadas tratadas con *TRiCi* y se observó una reducción en las abundancias de entre 50 y 70% (6 y 15 hpi). Finalmente, empleando un sistema de expresión en el que la proteína viral NSP3 se expresa junto a GFP separada por la secuencia T2A a partir del mismo mRNA (NSP3-T2A-GFP), se demostró que la inhibición del complejo TRiC/CCT afecta específicamente la abundancia de la proteína viral NSP3 sin alterar la abundancia de GFP ni la traducción de este mensajero. En conjunto, estos resultados sugieren que la función del complejo TRiC/CCT es crítica para la acumulación y posiblemente la estabilidad de las proteínas virales en la infección por rotavirus, y posicionan a este complejo como un nuevo factor de dependencia del hospedero que podría ser explotado como blanco terapéutico antiviral.



UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

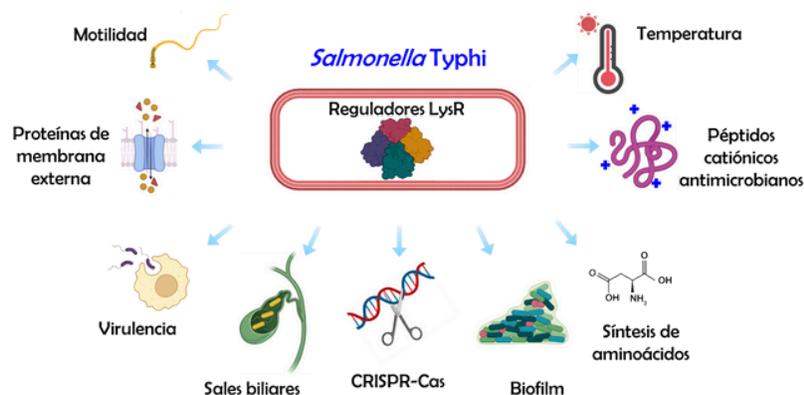
Distribución, evolución y funcionalidad de los reguladores de la familia LysR en el género *Salmonella*

Víctor Hernández, Yitzel Gama, Tomas Villaseñor, Sonia Dávila, Alejandra Vázquez, Selena Mayo e **Ismael Hernández Lucas**. Departamento de Microbiología Molecular. IBT-UNAM.

Los reguladores transcripcionales de la familia LysR (LTTR) son proteínas de unión al DNA presentes en bacterias arqueas y algas (1). Resultados de nuestro laboratorio demuestran que estas proteínas son muy abundantes en *Salmonellas* capaces de infectar humanos y su número disminuye drásticamente en *Salmonellas* comensales de reptiles. Adicionalmente, existen LTTRs exclusivos del género *Salmonella* y LTTRs presentes en una amplia gama de microorganismos. Interesantemente ciertas proteínas de esta familia de reguladores evolucionan de manera similar al núcleo esencial del genoma bacteriano proporcionando funciones esenciales a la célula. También se conocen LTTRs auxiliares que confieren capacidades a *Salmonella* para la supervivencia en diferentes entornos del hospedante (2). Finalmente, en este trabajo también demostramos la funcionalidad de 22 LTTRs de *Salmonella* Typhi, los cuales se encuentran involucrados en la vida libre y en la virulencia de este patógeno de humanos (3, 4, 5).

Referencias.

- 1.-Mayo-Perez S et al., 2024. Critical Reviews in Microbiology.
- 2.-Davila Sonia et al., 2025. Sometido a PLoS ONE.
- 3.-Gama-Martinez Y et al., 2025. Frontiers in Microbiology.
- 4.-Hernandez-Lopez V et al., 2025. Sometido a PLoS One.
- 5.-Lozano-Aguirre L et al., 2025. PLoS ONE.





UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

Mecanismos de financiamiento a la ciencia básica en México. Espacios ganados y oportunidades perdidas

Tomás Maya Malerva y **Brenda Valderrama**

En esta presentación analizaremos los mecanismos de financiamiento de la ciencia básica en México a través de una revisión histórica sobre la evolución del financiamiento científico, señalando que la democratización de la investigación surgió a partir de la inversión de fondos públicos tras la Segunda Guerra Mundial. Exploraremos también las políticas públicas en ciencia y tecnología, clasificándolas en horizontales, sectoriales y de frontera, con énfasis en la necesidad de una coordinación eficiente entre los actores involucrados.

Abordaremos también el impacto de la economía del conocimiento en el desarrollo científico y tecnológico, subrayando la importancia de la educación, infraestructura, innovación y un marco institucional adecuado. Se analizará la relación entre investigación básica y aplicada, destacando su interdependencia y la necesidad de un financiamiento equilibrado. Asimismo, se revisará la evolución de los fondos de inversión destinados a la ciencia básica, desde el PACIME hasta la desaparición de los fideicomisos en 2019, y se presentará un análisis detallado sobre la asignación presupuestaria por área del conocimiento.

En términos de impacto institucional, el documento resalta la concentración de los apoyos en instituciones como la UNAM, los Centros Públicos de Investigación y las Universidades Estatales Autónomas. Finalmente, se concluye que el diseño de las convocatorias para financiamiento científico ha sido un logro para la comunidad científica, pero que recientes cambios han representado un retroceso, limitando las oportunidades para nuevas generaciones de investigadores.



UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

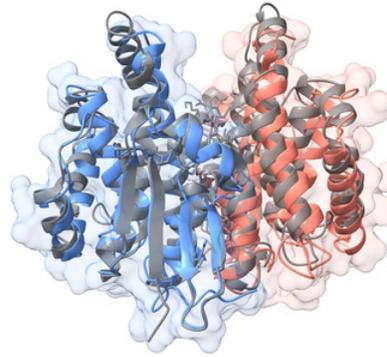
SIMPOSIO DE VERANO

Biología estructural aplicada a proteínas de interés farmacológico

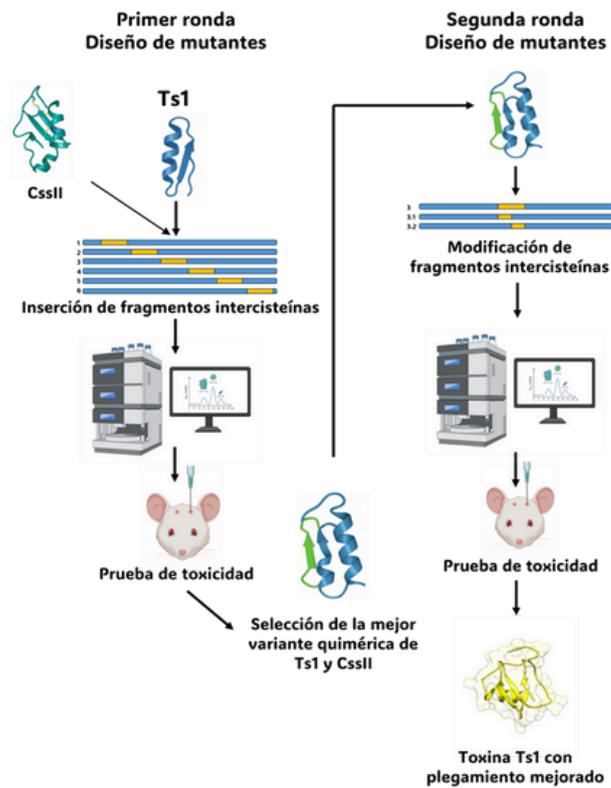
Ricardo Miranda-Blancas, German Obed Aguilar, Herlinda Clements, Samuel Cardoso-Arenas, Miguel Mejía-Sánchez, Iván Arenas, Ponciano García-Gutiérrez, Cesar Sánchez-Juárez, María C. Cardona-Echavarría, Roberto Flores-López, Rafael A. Zubillaga, Oscar Rodríguez-Lima, Lluvia de C. Sánchez Pérez, Alejandro Fernández, Enrique Rudiño-Pinera, Abraham Landa, Gerardo Corzo

Se abordarán dos proyectos centrados en el estudio estructural y funcional de proteínas relevantes en dos enfermedades tropicales desatendidas, empleando un enfoque integrador que combina cristalografía, simulaciones computacionales y diseño racional de proteínas. El primer estudio se enfoca en la glutatión transferasa clase sigma de *Taenia solium*. Estas enzimas citosólicas están implicadas en la protección contra el estrés oxidativo, la neutralización de compuestos xenobióticos y la modulación del sistema inmune del hospedero. En este trabajo se obtuvo la estructura cristalográfica de esta proteína, la cual presenta el plegamiento canónico de las GSTs, pero con regiones flexibles adyacentes al sitio de unión al glutatión. A través de dinámica molecular se muestra que la unión al glutatión le confiere estabilidad estructural, sugiriendo un acoplamiento funcional entre flexibilidad y actividad catalítica. El segundo estudio aborda el desafío del replegamiento in vitro de toxinas de escorpión ricas en puentes disulfuro, utilizando como modelo la toxina Ts1 de *Tityus serrulatus*. Esta β -neurotoxina posee una estructura estabilizada por cuatro puentes disulfuro y tiene alta afinidad por canales de sodio dependientes de voltaje. La obtención de Ts1 recombinante correctamente plegada ha sido limitada debido a la formación de múltiples isoformas inactivas. Para resolver este problema, se diseñaron variantes quiméricas reemplazando fragmentos inter-cisteína de Ts1 con secuencias equivalentes de la toxina CsslI (*Centruroides suffusus suffusus*), la cual sí es capaz de plegarse eficientemente in vitro. Este trabajo permitió identificar regiones específicas que actúan como asistentes de plegamiento, lo que proporciona una estrategia útil para la producción de toxinas recombinantes bien plegadas. Ambos proyectos reflejan cómo el uso integrativo permite abordar problemas fundamentales relacionados con el plegamiento, estabilidad y función de proteínas con alto valor en salud humana y biotecnología.

RMB agradece la beca otorgada por DGAPA-UNAM para la estancia posdoctoral 2021-2023 y por la beca otorgada por CONAHCyT/SECIHTI (CVU 592043) para su estancia posdoctoral 2024-2026.



Dímero de la glutatión transferasa clase sigma de *Taenia solium* (Azul y rojo) en superposición con el dímero de la glutatión transferasa de *Fasciola hepatica* (Gris).



Proceso de diseño de variantes quiméricas de la toxina Ts1 de *Tityus serrulatus* para mejorar su plegamiento.



UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

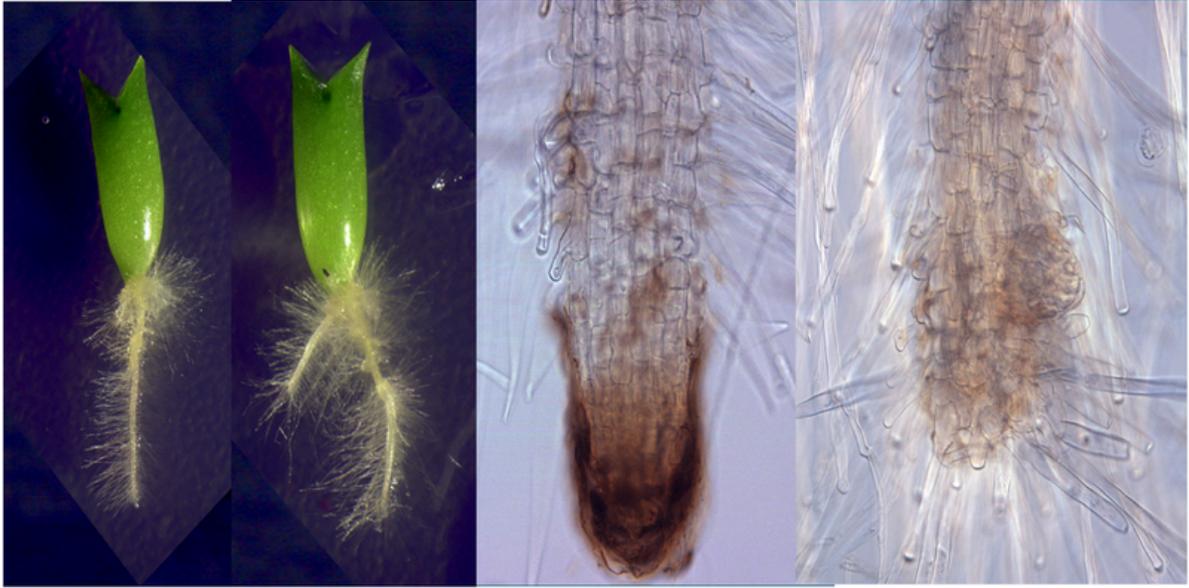
SIMPOSIO DE VERANO

Exploración de los mecanismos del mantenimiento y agotamiento del meristemo apical de la raíz en especies con crecimiento de la raíz determinado e indeterminado

Gustavo Rodríguez Alonso, Joel Rodríguez Herrera, Kenia A. Galván Alcaraz, Julieta Olvera Berruecos, Juan P. Villa Nuñez, Perla E. Calderón Delgado, Selene Napsucialy Mendivil, Juan M. Palacios Corona, Sofía Esteban Hernández, Joseph Dubrovsky, **Svetlana Shishkova***

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) y, como consecuencia, el crecimiento de la raíz se mantiene activo por periodos largos. Por el contrario, 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 un crecimiento determinado. En la especie modelo *Arabidopsis thaliana* se reportaron varias vías de mantenimiento del RAM; una de ellas está mediada por los factores de transcripción PLETHORA (PLT). La raíz primaria de las mutantes dobles *plt1 plt2* exhibe crecimiento determinado. Cinco genes PLT de *A. thaliana* se expresan en el ápice de la raíz, en donde promueven la expresión de genes que regulan positivamente la proliferación celular y reprimen la diferenciación celular. La información sobre el papel de los genes *PLT* en otras especies vegetales es escasa. Nuestros resultados sugieren que los genes *PLT* podrían estar involucrados en el agotamiento del RAM en cactáceas y en el crecimiento determinado de la raíz. Además, el análisis de enriquecimiento de categorías de ontología génica en la red inferida de regulación mediada por los PLT en seis especies vegetales sugiere que los factores de transcripción PLT son reguladores importantes de la expresión de genes involucrados en el procesamiento de RNA, particularmente, en el metabolismo de RNA ribosomal, así como en la biogénesis de los ribosomas y los complejos ribonucleoproteicos. Finalmente, platicaré del análisis de activación de la proliferación celular en el meristemo apical de la raíz primaria en algunas especies de cactáceas cuya raíz primaria deja de crecer aproximadamente 24 horas después de la germinación, en comparación con especies, en las cuales la raíz crece por dos-tres días después de la germinación.

Agradecimiento: Agradecemos las fuentes de financiamiento reciente: para los proyectos de cactáceas PAPIIT-UNAM IN208824, IN210221 y CONACyT CF304301 (SS); compartimos insumos y equipos adquiridos con los proyectos de *Arabidopsis* PAPIIT-UNAM 203024 y IN204221 (JD).





UNAM
Nuestra gran
Universidad



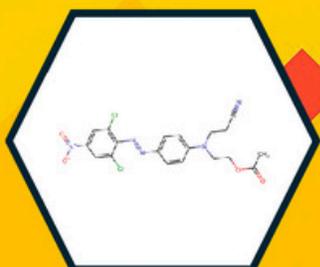
Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

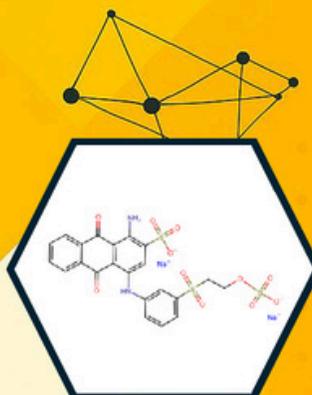
Peroxidasas DyP, alternativas para la remoción de colorantes textiles azoicos y antraquinónicos.

Dr. Ayixon Sánchez Reyes

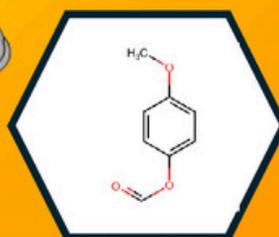
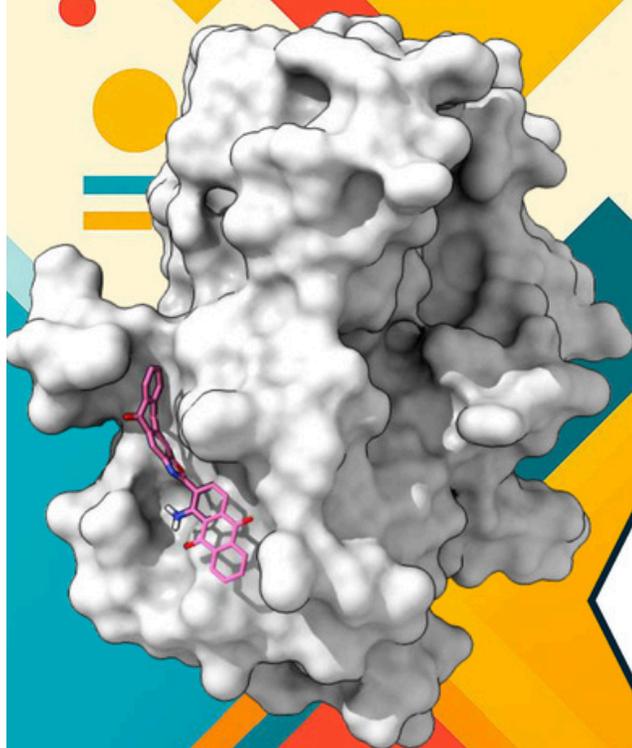
La familia de peroxidasas tipo DyP constituyen una fuente atractiva y novedosa para investigación ambiental, debido a sus reconocidos antecedentes en la degradación de compuestos con estructuras aromáticas complejas, como las antraquinonas, las aminas condensadas mediante grupos azoicos y diversos tipos de fenoles. En este trabajo presentamos la caracterización bioquímica y la evaluación como potenciales biocatalizadores de dos nuevas DyP peroxidasas bacterianas; cuyo origen se remonta a probables microorganismos no cultivables. Las secuencias de ambas peroxidasas se “especían” de forma independiente en el árbol filogenético, lo que sugiere que estas secuencias son novedosas. Tienen un amplio espectro de acción sobre colorantes textiles sintéticos, con capacidad de remoción sobre más de 15 estructuras diferentes, y cuentan con la capacidad agregada de remover *-de medios acuosos-* fenoles de importancia ambiental como son: Metoxifenol y Ácido hidroxibenzoico y 1,4-dihidroxibenceno (hidroquinona). La eficiencia catalítica sobre el sustrato modelo ABTS, muestra una diferencia de 2.5 para una de las enzimas, lo que la convierte en una mejor candidata para procesos donde la eficiencia es crítica, como tratamientos oxidativos con H_2O_2 o enzimología industrial. La observación más interesante en ambas enzimas es su papel mayoritario como biofloculantes, aunque contamos con evidencias analíticas (UPLC) de una probable modificación química sobre el grupo amino en estructuras R-NH-R en antraquinonas sustituidas.



Azo-linked aromatic rings



Anthraquinones



Phenols

"DyP-type peroxidases constitute an attractive and novel source for environmental research due to their recognized role in degrading aromatic compounds"



UNAM
Nuestra gran
Universidad



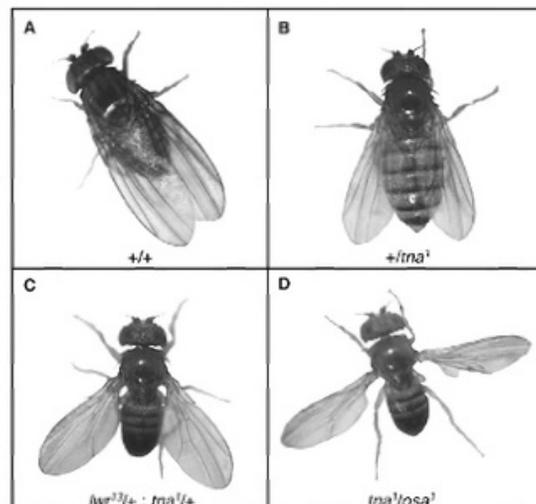
Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

La localización de TnaA en el genoma de *Drosophila melanogaster* durante el desarrollo

Dr. Marco Antonio Rosales-Vega, M. en C. Adriana Hernández-Becerril, Dr. Mario Zurita y **Dra. Martha Vázquez-Laslop**

TnaA es una proteína nuclear con actividad de E3 ligasa de SUMO que participa en la regulación de la expresión de algunos genes transcritos por la RNA polimerasa II durante el desarrollo de *Drosophila melanogaster*. Específicamente, TnaA funciona como facilitador de la expresión de genes involucrados en el desarrollo de la mosca. La SUMOilación es un mecanismo de modificación post-traducciona que permite que los blancos SUMOilados, cambien de interactores y a veces, de localización subcelular. Para entender cómo funciona TnaA en la regulación transcripcional de los genes quisiéramos conocer quiénes son los blancos de TnaA que podrían ser SUMOilados y la consecuencia de esta modificación. Para esto consideramos necesario saber en dónde está TnaA en el genoma y por ello, en esta ocasión, presentaremos datos de la localización por inmunofluorescencia de TnaA en cromosomas politénicos de larvas de tercer instar y por ChIP-seq en el genoma de *Drosophila* en diferentes etapas del desarrollo. A partir del análisis de los sitios donde encontramos a TnaA y de su relación con otras proteínas que se encuentran en dichos lugares, plantearemos qué podría estar haciendo TnaA en estas regiones del genoma.





UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

Mecanismos de fotoprotección en microalgas y otras curiosidades

Gabriela Aimeé Salazar Mata, Angel G. Contreras Pantaleón, Nelly A. Ambrosio Rosado, Emmanuel Pérez Morales, Ricardo F. Muñoz Nieto, Ana C. Escobar Ricárdez, Caleb Rosales Linares, Sofía L. Medina Mendoza, **Daniela Morales Sánchez**

Las microalgas son organismos fotosintéticos cuyo carácter autótrofo les confiere potencial biotecnológico para la producción de moléculas de alto valor [1]. Cuando estos organismos son expuestos a altas intensidades de luz, se presenta una pérdida en la actividad fotosintética debido a daños en el fotosistema II, fenómeno llamado fotoinhibición [2]. Este fenómeno es uno de los factores limitantes en el proceso de fotosíntesis y de producción de biomasa y metabolitos microalgales [3]. Para aprovechar el potencial de las microalgas, es necesario resolver este problema. En este sentido, se han descrito diversos mecanismos de fotoprotección, entre ellos, la activación del ciclo de la violaxantina que produce zeaxantina, un fotopigmento con un alto potencial antioxidante, y la disipación de la energía absorbida en forma de calor (NPQ), entre otros [4]. Estos mecanismos se están estudiando en el LabDMS en la microalga polar *Chlamydomonas* sp. RCC2488 (malina), tolerante a altas intensidades de luz y en la microalga trópicamente modelo *C. reinhardtii* que no es tolerante. Además, se están investigando los rasgos únicos de la microalga polar que le confiere adaptabilidad a: diferentes concentraciones de sal (osmoprotección), diferentes fotoperiodos, y diferentes temperaturas. Por otra parte, *C. reinhardtii* se está evaluando como plataforma para la producción de proteínas heterólogas o metabolitos secundarios, ejemplo: expresión heteróloga del gen *MelA* de *Rhizobium etli* que codifica para una tirosinasa en la vía de producción de melanina en *C. reinhardtii*.

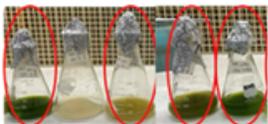
Referencias

- [1] Dolganyuk, V., Belova, D., Babich, O., et al. (2020). Microalgae: A promising source of valuable bioproducts. *Biomolecules* 10(8): 1153.
- [2] Jonwal, S., Verma, N., Sinha, A. K. (2022). Regulation of photosynthetic light reaction proteins via reversible phosphorylation. *Plant Science* 321: 111312.
- [3] Nawrocki, W. J., Liu, X., Raber, B., et al. (2021). Molecular origins of induction and loss photoinhibition-related energy dissipation q1. *Science Advances* 7(52), eabj0055.
- [4] Levin, G., Kulikovskiy, S., Liveanu, V., et al. (2021). The desert green algae *Chlorella ohadii* thrives at excessively high light intensities by exceptionally enhancing the mechanisms that protect photosynthesis from photoinhibition. *The Plant Journal* 106: 1260-1277.

Chlamydomonas

¿Plataforma genética?

- ✓ Expresión heteróloga de *MelA* de *Rhizobium etli* que codifica para una tirosinasa en la vía de síntesis de melanina

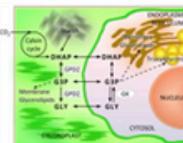


reinhardtii

malina

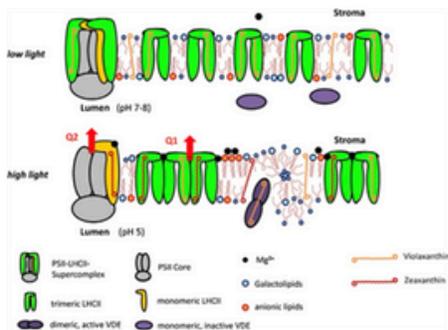
¿Rasgos únicos?

- ✓ Osmoprotección conferida por una GPDH bidominio



- ✓ Fotoperíodos ↘ ¿PUFAs?
- ✓ Temperatura ↗

¿Fotoprotección?





UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

La división celular al inicio de la infección con rhizobia, una perspectiva celular en las raíces de frijol

Rosana Sánchez López, Departamento de Biología Molecular de Plantas

El desarrollo del nódulo fijador de N₂ en leguminosas es un ejemplo representativo de la co-evolución que dió lugar a procesos simbióticos entre bacterias/fungi y una variedad de plantas, con excepción de Arabidopsis. Sabemos que el éxito en el desarrollo del nódulo depende de tres procesos finamente coordinados, infección con rhizobia, división celular en el córtex de la raíz y organogénesis del nódulo. Por lo que descifrar los mecanismos involucrados en la interacción simbiótica leguminosa:rhizobia, ha contribuido de manera significativa, no sólo al conocimiento de los procesos de regulación génica, de biología celular y desarrollo en plantas, sino también al planteamiento de nuevos paradigmas.

En nuestro grupo nos enfocamos en la dinámica entre la infección epidermal y la división celular. La infección epidermal, tiene lugar en un pelo radical que responde ("responsive-root hair") a las señales moleculares rhizobiales. Entre las respuestas, está el encorvamiento del ápice del pelo radical, cuyo pliegue deriva en una cámara de infección (CI) con matriz extracelular, que favorece el desarrollo de una microcolonia rhizobial. A partir del CI, se forma un continuum apoplástico con crecimiento transcelular y polaridad invertida, conocido como hilo de infección (HI), por el que las rhizobia entran al "responsive-root hair" y, posteriormente, acceden al tejido cortical adyacente al sitio de infección. En coordinación con la formación y elongación del HI, en el tejido cortical se observan rondas de división celular que inician en el córtex interno o externo, según la leguminosa, para formar un primordio del nódulo. Una peculiaridad del sitio de infección en raíces de *Phaseolus vulgaris* (frijol) es que la ronda inicial de división celular tiene lugar la capa cortical C1, es decir, en las células subepidermales (S-E) que subyacen al pelo radical que porta un HI2.

En el grupo utilizamos este excelente modelo para visualizar la dinámica y temporalidad entre el inicio de la infección epidermal y la etapa del ciclo celular en la que se encuentra la célula S-E, a ser invadida por el HI. Por microscopía confocal analizamos de sitios de infección en raíces transgénicas que expresan los marcadores moleculares fluorescentes de interés. Los escenarios observados muestran que en la ventana de tiempo entre la detección de una microcolonia y el cruce del HI desde la base del pelo radical y su penetración a la célula S-E corresponde al periodo en el que esta célula activa su ciclo celular (el núcleo se

posiciona en el centro de la célula) y concluye su ronda de división celular (la nueva placa citocinética se ha expandido y denota la inminente separación de las células hijas³. Para documentar mejor la dinámica entre la formación de una microcolonia y la activación del ciclo celular, estamos analizando los cambios en la organización de los microtúbulos corticales.

Para explorar la participación de otros componentes en la comprensión de la dinámica entre infección y división celular, estamos explorando el uso de otras herramientas moleculares, como la actividad de los promotores sintéticos DR5 y TCSn, y la participación de enzimas remodeladoras de pared celular.

1 Roy et al, 2021. *Plant Cell* 32: 15–41.

2 Tate et al., 1994. *MPMI*, 7, 582–589.

3 Monroy-Morales et al., 2022. *IJMS* 23: 5267.

Este trabajo fue financiado, parcialmente, por el Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica/UNAM (PAPIIT/UNAM IN204721 y IN218524) otorgados a RSL



UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

IA y la reconstrucción automática del flagelo del espermatozoide humano en 3D

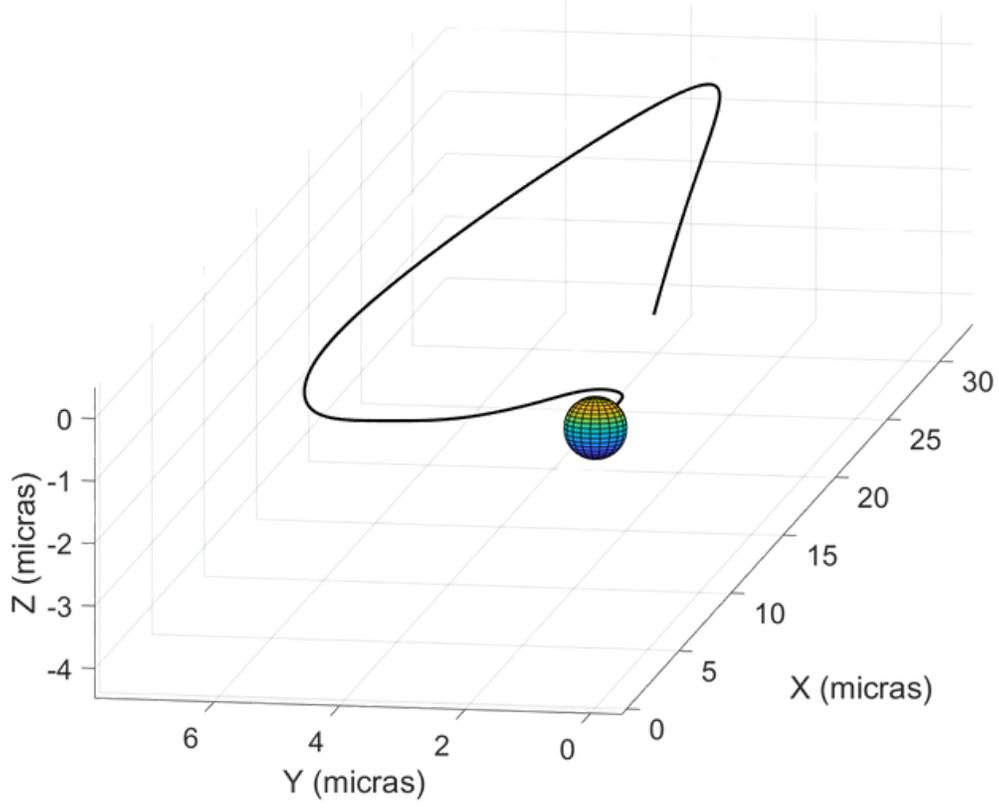
Fernando Montoya¹, Paul Hernández-Herrera², Andrés Bribiesca-Sánchez¹, Dan Sidney Díaz-Guerrero¹, Alberto Darszon³, Gabriel Corkidi¹

¹Laboratorio de Imágenes y Visión por Computadora, Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Morelos, México. ²Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de San Luis Potosí, San Luis Potosí, SLP, México. ³Departamento de Genética del Desarrollo y Fisiología Molecular, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Morelos, México.

El movimiento del flagelo del espermatozoide humano desempeña un papel fundamental en los procesos de fertilización y reproducción. Si bien se dispone de un conocimiento parcial sobre sus componentes internos, sus interacciones y la relación entre la dinámica flagelar y los flujos intracelulares de calcio, las observaciones experimentales en este campo siguen siendo limitadas. Esta limitación se debe, en parte, a la complejidad tanto experimental como computacional que implica la reconstrucción precisa del flagelo. Dicha dificultad representa un cuello de botella que requiere una considerable inversión de recursos humanos, lo que dificulta la realización de estudios sistemáticos y a gran escala sobre su dinámica.

Tradicionalmente, y debido a las restricciones tecnológicas de épocas anteriores, los análisis se centraron en reconstrucciones bidimensionales. No obstante, en las últimas dos décadas, los avances en tecnologías de imagen, el aumento del poder computacional y el desarrollo de técnicas de inteligencia artificial han permitido la creación de métodos más sofisticados para la reconstrucción tridimensional del flagelo. En este contexto, nuestro enfoque automatizado de reconstrucción 3D se basa en la adquisición de imágenes en distintos planos de profundidad para reconstruir un volumen tridimensional que contiene una célula de espermatozoide humano. A partir de estas imágenes, y mediante el uso de algoritmos de inteligencia artificial y técnicas de aproximación polinomial, hemos desarrollado un método que permite automatizar el proceso de reconstrucción del flagelo en tres dimensiones. La superación del cuello de botella asociado a este problema posibilita la obtención de datos a gran escala, lo que a su vez facilitará un entendimiento más integral de la dinámica flagelar y de su relación con los flujos de calcio intracelulares.

Reconstrucción del flagelo en 3D





UNAM
Nuestra gran
Universidad



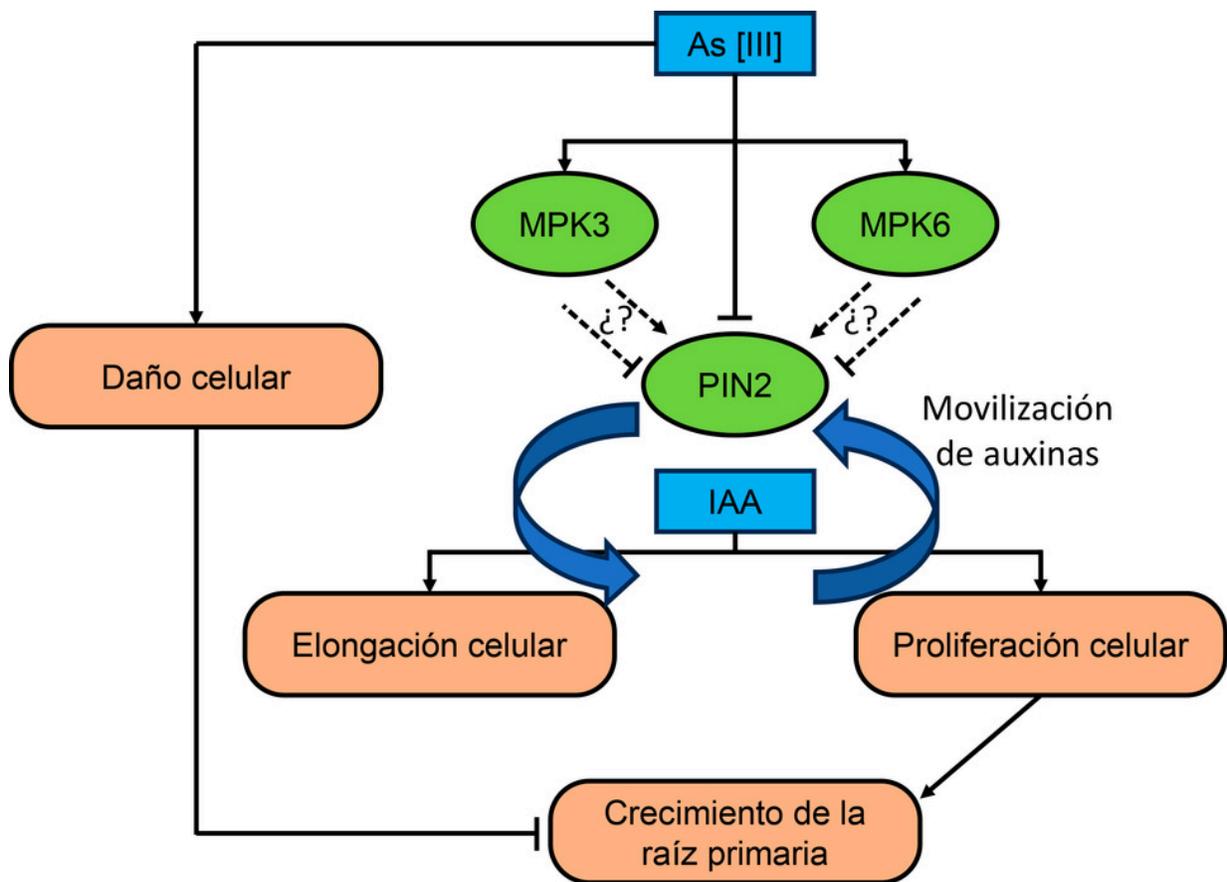
Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

El arsenito afecta el crecimiento de la raíz de *Arabidopsis thaliana* L. a través de una vía de señalización mediada por auxinas y MAP cinasas

Andreina Ocampo-Santana, Salvador Barrera-Ortiz, Luz Breton-Deval, Gabriel Guillén, Ángel Arturo Guevara-García (Laboratorio de Señalización del Desarrollo Vegetal).

En los últimos años hemos dedicado esfuerzos a estudiar los efectos de diferentes metales pesados sobre el crecimiento de *Arabidopsis thaliana* L. (*A. thaliana*), en etapas tempranas del desarrollo postembrionario. Nuestro estudio está enfocado principalmente en la raíz, que es el órgano de la planta en contacto directo con el suelo donde está expuesto a muchos contaminantes incluyendo metales pesados y metaloides. De entre los metaloides, el arsenito (As [III]), la forma más tóxica del arsénico inorgánico (As), a bajas concentraciones afecta negativamente el crecimiento y desarrollo de las plantas. El mecanismo de señalización por el cual las plantas responden al arsenito está poco estudiado y en este proyecto, utilizando una estrategia farmacogenética en un sistema experimental muy estricto, se demostró que el As [III] inhibe el crecimiento de la raíz de *A. thaliana*, deteniendo la división y elongación celular, así como provocando daño celular. Dado que el ácido N-1-naftilftalámico (NPA), un inhibidor del transporte de auxinas, potencia los efectos inhibitorios de la raíz primaria del As [III], se planteó la hipótesis de que las auxinas están involucradas en la respuesta. Esta hipótesis se verificó utilizando una mutante en un transportador de auxinas (*pin2*), que resultó hipersensible al efecto del As [III] y acumula auxinas en el meristema apical de la raíz, así como evaluando los niveles de expresión de un gen (*IAA17*), que regula la expresión de genes inducida por auxinas. Adicionalmente, a pesar de que las mutantes *mpk6-2* y *mpk3-1* se comportan como el tipo silvestre en respuesta a la exposición al As [III], probablemente debido a la conocida redundancia funcional de estas enzimas, fue posible implicar una cascada de MAP cinasas en la vía de señalización activada por As [III], ya que la expresión del gen reportero GUS se reguló positivamente las líneas *pMPK6::UidA* y *pMPK3::UidA*, en función de la concentración del metaloide. En resumen, los resultados sugieren que As [III] inhibe la división y expansión celular, causando daño celular en la punta de la raíz primaria y bloqueando el transporte de auxinas, a través de un mecanismo en el que está implicado un módulo de MAP cinasas.





UNAM
Nuestra gran
Universidad



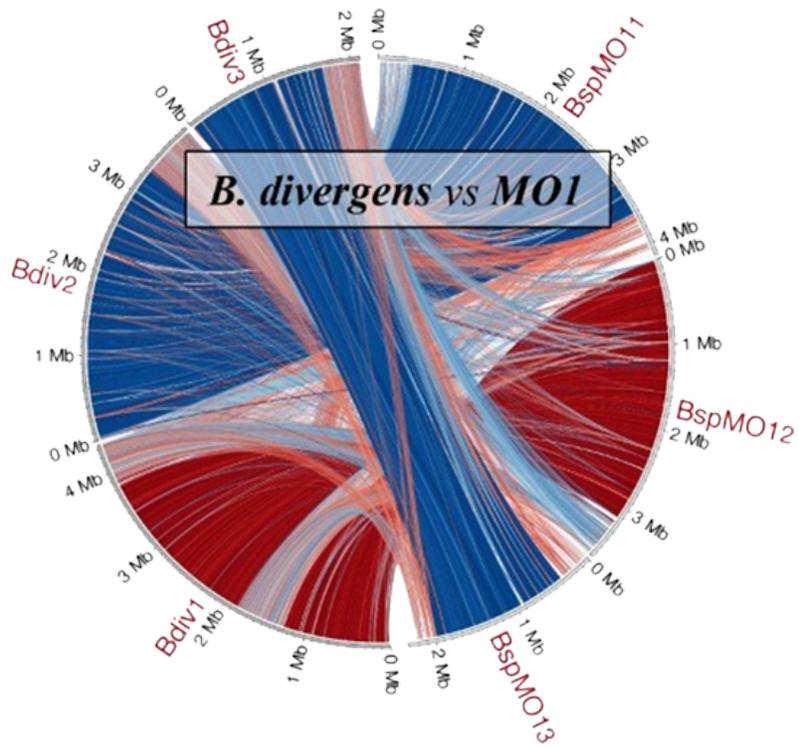
Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

Nuevos enfoques 'ómicos para el estudio de los parásitos del género *Babesia*

Ricardo Grande, Karel Estrada, Ilse Salinas-Peralta y **Alejandro Sanchez-Flores**,
Unidad Universitaria de Secuenciación Masiva y Bioinformática

En los últimos años hemos dedicado esfuerzos a estudiar los efectos de diferentes metales pesados sobre el crecimiento de *Arabidopsis thaliana* L. (*A. thaliana*), en etapas tempranas del desarrollo postembrionario. Nuestro estudio está enfocado principalmente en la raíz, que es el órgano de la planta en contacto directo con el suelo donde está expuesto a muchos contaminantes incluyendo metales pesados y metaloides. De entre los metaloides, el arsenito (As [III]), la forma más tóxica del arsénico inorgánico (As), a bajas concentraciones afecta negativamente el crecimiento y desarrollo de las plantas. El mecanismo de señalización por el cual las plantas responden al arsenito está poco estudiado y en este proyecto, utilizando una estrategia farmacogenética en un sistema experimental muy estricto, se demostró que el As [III] inhibe el crecimiento de la raíz de *A. thaliana*, deteniendo la división y elongación celular, así como provocando daño celular. Dado que el ácido N-1-naftilftalámico (NPA), un inhibidor del transporte de auxinas, potencia los efectos inhibitorios de la raíz primaria del As [III], se planteó la hipótesis de que las auxinas están involucradas en la respuesta. Esta hipótesis se verificó utilizando una mutante en un transportador de auxinas (*pin2*), que resultó hipersensible al efecto del As [III] y acumula auxinas en el meristema apical de la raíz, así como evaluando los niveles de expresión de un gen (*IAA17*), que regula la expresión de genes inducida por auxinas. Adicionalmente, a pesar de que las mutantes *mpk6-2* y *mpk3-1* se comportan como el tipo silvestre en respuesta a la exposición al As [III], probablemente debido a la conocida redundancia funcional de estas enzimas, fue posible implicar una cascada de MAP cinasas en la vía de señalización activada por As [III], ya que la expresión del gen reportero GUS se reguló positivamente las líneas *pMPK6::UidA* y *pMPK3::UidA*, en función de la concentración del metaloide. En resumen, los resultados sugieren que As [III] inhibe la división y expansión celular, causando daño celular en la punta de la raíz primaria y bloqueando el transporte de auxinas, a través de un mecanismo en el que está implicado un módulo de MAP cinasas.





UNAM
Nuestra gran
Universidad



Instituto de
Biotecnología
UNAM

SIMPOSIO DE VERANO

Aplicaciones de Deep Learning para la Identificación de Virus en Datos Metagenómicos

Alida Zarate¹, Alejandro Uscanga Junco², Edna Cruz Flores², Lorena Díaz-González³, **Blanca Taboada¹**

¹Departamento de Genética del Desarrollo y Fisiología Molecular, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México.

² Instituto de Investigación en Ciencias Básicas Aplicadas (IICBA), Universidad Autónoma del Estado de Morelos.

³ Centro de Investigación en Ciencias, Universidad Autónoma del Estado de Morelos.

La metagenómica ha revolucionado la forma en que exploramos la diversidad microbiana y viral en ambientes naturales, animales, plantas y el cuerpo humano. No obstante, la caracterización de virus en estos datos sigue siendo un reto significativo debido a su alta diversidad genética y la limitada disponibilidad de genomas virales de referencia. Esta situación dificulta particularmente la detección de virus nuevos o altamente divergentes.

En este contexto, las técnicas de deep learning han emergido como herramientas poderosas para superar estas limitaciones. En esta presentación, se abordarán aplicaciones recientes de redes neuronales profundas que estamos desarrollando para la identificación y clasificación de virus en datos metagenómicos, con énfasis en VirDetect-AI, una herramienta basada en redes profundas convolucionales y residuales capaz de clasificar secuencias virales de virus eucariontes en 980 clases proteicas, abarcando 86 familias virales.

VirDetect-AI permite identificar virus conocidos y también detectar aquellos con homología lejanas, mejorando notablemente la precisión de la clasificación en comparación con métodos binarios tradicionales. Su desarrollo ha sido posible gracias al entrenamiento en grandes volúmenes de datos y el uso de infraestructura de cómputo de alto rendimiento.

Además, se presentarán avances complementarios, como el enriquecimiento de bases de datos de referencia viral y el desarrollo de modelos para predecir interacciones entre fagos y bacterias, fundamentales para entender la ecología microbiana. Estos esfuerzos integran la inteligencia artificial con la virología computacional, ofreciendo nuevas herramientas para la vigilancia genómica de patógenos emergentes y la exploración de la diversidad viral a gran escala.

Agradecimientos y Financiamiento: Proyectos financiados parcialmente por PAPIIT-DGAPA-IN230523 y SECTEI/138/2024.

VirDetect-AI

